

## АНАЛИЗ ФЕНОТИПА ДЕКОРАТИВНЫХ РАСТЕНИЙ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ИСКУССТВЕННЫХ НЕЙРОННЫХ СЕТЕЙ: ОПРЕДЕЛЕНИЕ ТАКСОНОМИЧЕСКИХ И ФИЗИОЛОГИЧЕСКИХ ХАРАКТЕРИСТИК

В. Ю. БОНДАРЕНКО<sup>1)</sup>, А. В. БАРКОВСКИЙ<sup>2)</sup>, А. Ю. ШАШКО<sup>1)</sup>,  
М. А. ЧЕРНЫШ<sup>1)</sup>, Д. А. ПРЖЕВАЛЬСКАЯ<sup>1)</sup>, Д. В. КОЛБАНОВ<sup>3)</sup>,  
А. И. СОКОЛИК<sup>1)</sup>, И. И. СМОЛИЧ<sup>1)</sup>, С. С. МЕДВЕДЕВ<sup>4)</sup>, В. В. ДЕМИДЧИК<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>Белорусский государственный университет, пр. Независимости, 4, 220030, г. Минск, Беларусь

<sup>2)</sup>Белорусский государственный университет информатики и радиоэлектроники,  
ул. Петруся Бровки, 6, 220013, г. Минск, Беларусь

<sup>3)</sup>Республиканское учебно-опытное унитарное предприятие БГУ «Щемыслица»,  
ул. Жуковского, 15-А, 223049, агрогородок Щемыслица, Минская обл., Беларусь

<sup>4)</sup>Санкт-Петербургский государственный университет,  
Университетская набережная, 7/9, 199034, г. Санкт-Петербург, Россия

Феномика – междисциплинарная научная область, объектом исследования которой являются фенотипы, их качественные и количественные показатели, а также закономерности их формирования в ходе онтогенеза и в результате взаимодействия с внешними факторами. Методология феномики – совокупность подходов фенотипирования

### Образец цитирования:

Бондаренко ВЮ, Барковский АВ, Шашко АЮ, Черныш МА, Пржевальская Да, Колбанов ДВ, Соколик АИ, Смолич ИИ, Медведев СС, Демидчик ВВ. Анализ фенотипа декоративных растений с использованием искусственных нейронных сетей: определение таксономических и физиологических характеристик. *Журнал Белорусского государственного университета. Биология*. 2019;1:25–32.

<https://doi.org/10.33581/2521-1722-2019-1-25-32>

### For citation:

Bandarenka Yu, Barkovsky AV, Shashko AYu, Charnysh MA, Przhevalskaia DA, Kolbanov DV, Sokolik AI, Smolich II, Medvedev SS, Demidchik VV. Taxonomic determination and physiological analysis of ornamental plants using convolutional neural networks. *Journal of the Belarusian State University. Biology*. 2019;1:25–32. Russian.

<https://doi.org/10.33581/2521-1722-2019-1-25-32>

### Авторы:

**Владислав Юрьевич Бондаренко** – стажер младшего научного сотрудника научно-исследовательской лаборатории физиологии и биотехнологии растений кафедры клеточной биологии и биоинженерии растений биологического факультета.

**Антон Викторович Барковский** – магистрант кафедры информатики факультета компьютерных систем и сетей.

**Антонина Юрьевна Шашко** – стажер младшего научного сотрудника научно-исследовательской лаборатории физиологии и биотехнологии растений кафедры клеточной биологии и биоинженерии растений биологического факультета.

**Мария Александровна Черныш** – младший научный сотрудник научно-исследовательской лаборатории физиологии и биотехнологии растений кафедры клеточной биологии и биоинженерии растений биологического факультета.

**Дарья Андреевна Пржевальская** – младший научный сотрудник научно-исследовательской лаборатории физиологии и биотехнологии растений кафедры клеточной биологии и биоинженерии растений биологического факультета.

**Дмитрий Викторович Колбанов** – заместитель директора.

**Анатолий Иосифович Соколик** – кандидат биологических наук, доцент; доцент кафедры клеточной биологии и биоинженерии растений биологического факультета.

**Игорь Иванович Смолич** – кандидат биологических наук, доцент; доцент кафедры клеточной биологии и биоинженерии растений биологического факультета.

**Сергей Семенович Медведев** – доктор биологических наук, профессор; заведующий кафедрой физиологии и биохимии растений, заведующий лабораторией биологии развития растений биологического факультета.

**Вадим Викторович Демидчик** – доктор биологических наук, доцент; заведующий кафедрой клеточной биологии и биоинженерии растений биологического факультета.

### Authors:

**Uladzislau Yu. Bandarenka**, probationer of junior researcher at the research laboratory of plant physiology and biotechnology, department of plant cell biology and bioengineering.  
[uladzislau.bandarenka@gmail.com](mailto:uladzislau.bandarenka@gmail.com)

**Anton V. Barkovsky**, master's degree student at the department of computer science, faculty of computer systems and networks.  
[anton@swarmer.me](mailto:anton@swarmer.me)

**Antonina Yu. Shashko**, probationer of junior researcher at the research laboratory of plant physiology and biotechnology, department of plant cell biology and bioengineering.  
[antonina.shashko@gmail.com](mailto:antonina.shashko@gmail.com)

**Maryia A. Charnysh**, junior researcher at the research laboratory of plant physiology and biotechnology, department of plant cell biology and bioengineering.  
[chernyshmaryia@gmail.com](mailto:chernyshmaryia@gmail.com)

**Darya A. Przhevalskaia**, junior researcher at the research laboratory of plant physiology and biotechnology, department of plant cell biology and bioengineering.  
[daryaprzhevalskaia@gmail.com](mailto:daryaprzhevalskaia@gmail.com)

**Dmitrii V. Kolbanov**, deputy director.

[dmitry-kolbanov@tut.by](mailto:dmitry-kolbanov@tut.by)

**Anatolii I. Sokolik**, PhD (biology), docent; associate professor at the department of plant cell biology and bioengineering.  
[sokolik@bsu.by](mailto:sokolik@bsu.by)

**Igor I. Smolich**, PhD (biology), docent; associate professor at the department of plant cell biology and bioengineering.  
[smolich@bsu.by](mailto:smolich@bsu.by)

**Sergei S. Medvedev**, doctor of science (biology), full professor; head of the department of plant physiology and biochemistry, head of the laboratory of plant development biology.  
[s.medvedev@spbu.ru](mailto:s.medvedev@spbu.ru)

**Vadim V. Demidchik**, doctor of science (biology), docent; head of the department of plant cell biology and bioengineering.  
[dzemidchik@bsu.by](mailto:dzemidchik@bsu.by)

растений, включающая в себя ряд наиболее современных технологий получения изображений, спектрального, биохимического, молекулярного и генетического анализа, а также инновационных методов информатики, таких как распознавание изображений, компьютерное зрение и машинное обучение. Целью настоящей работы была разработка феномного приложения, основанного на компьютерном зрении и методах машинного обучения, для таксономической классификации и определения физиологического состояния декоративных растений различных групп. В результате работы созданы, классифицированы и аннотированы базы данных *Thuja occidentalis* L., *Forsythia intermedia* Vahl, *Heuchera micrantha* Douglas ex Lindl., *Syringa vulgaris* L., *Phalaenopsis × hybridum* Blume. Разработана модель сверточной нейронной сети для таксономической классификации и определения физиологического состояния растений на основе RGB-изображений. Обучение проводилось на основе баз изображений, полученных в стандартизированных условиях при помощи высококачественных RGB-камер. Разработанная нейронная сеть продемонстрировала коэффициент детерминации ( $R^2$ ) около 0,66 при определении физиологического состояния. Также нейронная сеть показала высокую эффективность распознавания таксономической принадлежности декоративных видов растений (около 90,8 %).

**Ключевые слова:** феномика; машинное обучение; компьютерное зрение.

**Благодарность.** Работа финансировалась в рамках проекта № 13 подпрограммы 1 «Инновационные биотехнологии – 2020» ГП «Наукоемкие технологии и техника» Республики Беларусь, проекта № 63 ОНТП Республики Беларусь «Интродукция, озеленение, экобезопасность», тем базового финансирования ГПНИ Республики Беларусь «Природопользование и экология» и «Химические технологии и материалы, природно-ресурсный потенциал» (№ 20161634 и 20161274).

## TAXONOMIC DETERMINATION AND PHYSIOLOGICAL ANALYSIS OF ORNAMENTAL PLANTS USING CONVOLUTIONAL NEURAL NETWORKS

*U. Yu. BANDARENKA<sup>a</sup>, A. V. BARKOVSKY<sup>b</sup>, A. Yu. SHASHKO<sup>a</sup>,  
M. A. CHARNYSH<sup>a</sup>, D. A. PRZHEVALSKAYA<sup>a</sup>, D. V. KOLBANOV<sup>c</sup>,  
A. I. SOKOLIK<sup>a</sup>, I. I. SMOLICH<sup>a</sup>, S. S. MEDVEDEV<sup>d</sup>, V. V. DEMIDCHIK<sup>a</sup>*

<sup>a</sup>*Belarusian State University, 4 Niezaliežnasci Avenue, Minsk 220030, Belarus*

<sup>b</sup>*Belarusian State University of Informatics and Radioelectronics,  
6 Petrusia Broiķi Street, Minsk 220013, Belarus*

<sup>c</sup>*Teaching and Research Centre «Schemislitsa», Belarusian State University,  
15-A Žukovskaha Street, Ščomyslica 223049, Minsk region, Belarus*

<sup>d</sup>*Saint Petersburg State University, 7/9 Universitetskaya Embankment, Saint Petersburg 199034, Russia*

*Corresponding author: V. V. Demidchik (dzemidchik@bsu.by)*

Phenomics is an interdisciplinary scientific field, the object of research of which are phenotypes, their qualitative and quantitative parameters, as well as regularities of their formation during ontogenesis and as a result of interaction with external factors. The methodology of phenomics is a set of approaches for the phenotyping of plants, including a number of the most modern technologies of imaging, spectral analysis, biochemical, molecular and genetic analyses, and also innovative informatics techniques such as image recognition, computer vision and machine learning. The purpose of this work was to develop a phenomics application based on computer vision and methods of machine learning for taxonomic classification and determination of physiological condition of different ornamental plants. As a result of this work, the annotated databases *Thuja occidentalis* L., *Forsythia intermedia* Vahl, *Heuchera micrantha* Douglas ex Lindl., *Syringa vulgaris* L., *Phalaenopsis × hybridum* Blume, etc. were created and annotated. The model of a convolution neural network for taxonomic classification and determination of physiological condition of plants on the basis of RGB-images was developed. The training used images obtained in standardized conditions by high quality RGB-cameras. The neural network showed high efficiency of recognition, when analysing with taxonomic properties of decorative plants (about 90.8 %). The developed neural network also demonstrated coefficient of determination ( $R^2$ ) about 0.66 in the analysis of physiological state.

**Key words:** phenomics; machine learning; computer vision.

**Acknowledgements.** The work was financed within the project No. 13 of subprogramme 1 «Innovative biotechnologies – 2020» of the state project «Science-intensive technologies and technics» Republic of Belarus, the project No. 63 of the Industrial scientific and technical programs of the Republic of Belarus «Introduction, greening, eco-safety», the basic financing State programs of scientific research «Nature use and ecology» and «Chemical technologies and materials, natural resources potential» (No. 20161634 and 20161274).

## Введение

Фенотип – совокупность морфологических, физиологических и биохимических характеристик организма в конкретных условиях существования. Организмы, имеющие одинаковый генотип, могут по-разному его реализовать в зависимости от внешних условий. Влияние стрессовых факторов может модифицировать фенотип, подавляя процессы роста и развития растений. Это проявляется в снижении качества и количества урожая [1]. Получение фенотипа с заданными свойствами является важнейшей задачей селекционного процесса и большинства агротехнических мероприятий [2].

Всеобъемлющее цифровое исследование фенотипа стало возможным лишь в последние годы с внедрением в биологию современных физико-химических методов измерений, подходов биоинформатики и системной биологии. Сложилось новое направление исследований – феномика, занимающееся выявлением закономерностей формирования и изменения фенотипов на большом фактологическом материале при помощи неинвазивных методов измерения и биоинформационных подходов [3]. Отличием феномики от классических морфометрических измерений является автоматизация регистрации, хранения и анализа данных, а также использование современных алгоритмов распознавания изображений и работа с крупными массивами графических данных [4]. Феномная информация менее подвержена влиянию человеческого фактора, т. е. субъективности измерений и обработки данных [5]. Собственные феномные технологии развиваются во многих странах мира. В результате создаются и совершенствуются так называемые феномные платформы (LemnaTec – в Германии, Qubit – в Канаде, Phenospex – в Нидерландах, Photon Systems – в Чехии и др.), представляющие собой программно-аппаратные комплексы для фенотипирования растений. Они включают в себя как компактные комплексы для автоматического анализа растений в лабораторных условиях, так и массивные полевые установки [6].

Одним из перспективных направлений в феномике растений является применение методов машинного обучения [7], которое представляет собой класс методов искусственного интеллекта, обеспечивающих решение задачи не напрямую, а в результате обучения при решении множества сходных тест-задач. Для построения таких вычислительных методов используются средства статистики, численных методов, методов оптимизации, теории вероятностей, теории графов, различные техники работы с данными в цифровой форме [8]. Машинное обучение использует алгоритмы, которые обладают встроенной способностью распознавать соответствия паттернов при анализе больших массивов данных и использовать их для самообучения [9]. Одна из основных задач машинного обучения и вычислительной биологии состоит в создании и модификации эффективных подходов для перевода сложных и многофакторных биологических данных, например таких, как описание геномов и феномов, в численную форму и в виде моделей, которые применимы на практике [10].

Наиболее часто анализируемые с использованием техники машинного обучения органы растения – корень и лист. Примерами успешного анализа листовых пластинок с использованием методов машинного обучения являются работы, выполненные на *Triticum durum*, *Zea mays*, *Hordeum vulgare*, *Arabidopsis thaliana* и некоторых других видах высших растений [11]. На базе машинного обучения созданы технологии количественного анализа площади листьев и роста побегов [12], разработана динамическая модель развития розетки для изучения развития листа, оценен вклад генотипа в формирование фенотипа побега на ранних стадиях онтогенеза [13], выявлены закономерности изменения флуоресценции хлорофилла при воздействии важнейших патогенов [14], показана взаимосвязь между увеличением площади поверхности листа и накоплением биомассы [15] и др. Для анализа корневой системы создана компьютерная программа для 3D-моделирования ее архитектуры и детального анализа процессов развития [16]. На базе компьютерных моделей осуществлено выявление роли некоторых генов, например гена кальциевых рецепторов, в регуляции развития корневой системы [17]. Также изучена способность многих видов растений к выживанию в условиях недостатка влаги [18], показаны изменения ключевых физиологических параметров, обусловленные стрессовым состоянием под действием патогенов или гербицидов [14]. Широко распространены полевые исследования надземных частей растения и их анализ с использованием систем машинного обучения [19], а также изучение их реакции на стресс в условиях засоления и засухи [20]. Активно анализируются генетически обусловленные вариации в ростовых характеристиках пшеницы и других зерновых культур как ответ на низкие температуры [21]. Кроме того, полевые исследования проводятся с целью улучшить селекционные процессы для кормовых культур и газонных трав [22].

Среди методов машинного обучения, применяющихся для обработки больших массивов изображений, в последние годы все большую популярность приобретает технология сверточных нейронных сетей [23]. Она обеспечивает исключительно высокую точность и детализацию анализов в случае фенотипирования растений. Работа сверточной нейронной сети обычно интерпретируется как переход от конкретных особенностей изображения к более абстрактным деталям и далее – к еще более

абстрактным деталям вплоть до выделения понятий высокого уровня. Нейронная сеть вырабатывает необходимую иерархию признаков (последовательности карт признаков), отсеивает маловажные детали и выделяет существенные [24]. Автоматизированный анализ изображений с помощью нейронных сетей может быть использован для классификации растений по их видам, физиологическому состоянию, наличию симптомов заболевания или изменению морфологических параметров при внешних и внутренних факторах [25].

Непосредственно сверточные нейронные сети используют с целью создать специализированное программное обеспечение для высокопроизводительного фенотипирования [26], чтобы решить различные задачи: от автоматического анализа данных микроскопии [27] и оценки посевного материала для селекции [28] до широкомасштабных полевых исследований, примером которых служат работа по отслеживанию цветения хлопка [29] или анализ вегетирующих органов пшеницы с применением аэрофотографий [30]. Сверточные нейронные сети используются как модули или отдельные программные продукты при определении видов, сортов и физиологического состояния растений [31]. В декоративном цветоводстве США, Нидерландов, Германии программные продукты на основе машинного обучения используют в селекции тюльпанов, орхидей и т. д. Кроме того, методы машинного обучения применимы для определения отличий между сортами и генетическими линиями культурных растений [32]. Для некоторых исследований создаются сложные и комплексные программные продукты, например для поиска на изображении и оценки характеристик соцветий риса [33], скрининга растений кукурузы по целому спектру параметров с применением алгоритмов сегментации [34], а также при идентификации механизмов хлороза сои, вызванного дефицитом железа, в полевых условиях с использованием подходов RGB-имиджинга [35].

В настоящее время в СНГ отсутствуют систематические работы в области высокопроизводительного фенотипирования растений, однако имеется ряд примеров использования подходов феномики для решения узких задач физиологии растений. Например, разработана компьютерная программа, производящая автоматический подсчет зерен в колосе и определяющая их размер [36]. В упомянутых государствах отсутствуют приложения на основе нейронных сверточных сетей для анализа серийных изображений при фенотипировании растений. В связи с этим нами была поставлена цель разработать и испытать сверточную нейронную сеть, способную распознавать таксономическую принадлежность и важные физиологические состояния ряда декоративных растений, включая древесные и травянистые формы. Работа была сфокусирована на использовании одной из наиболее эффективных моделей нейронных сетей – MobileNet, отличающейся высокой надежностью и простотой. Выбор растительных объектов был продиктован их слабой изученностью с позиций феномики, а также тем, что работа с востребованными в питомниководстве видами имеет большое прикладное значение, доминирующее в белорусской науке.

## Материалы и методы исследования

Объектами исследования в настоящей работе являлись культуры декоративных растений, выведенных *ex vitro* (*Forsythia intermedia* Vahl, *Heuchera micrantha* Douglas ex Lindl., *Syringa vulgaris* L., *Phalaenopsis × hybrida* Blume), и растения, полученные путем черенкования (*Thuja occidentalis* L.). Они часто используются при озеленении городов и в декоративном цветоводстве. *Forsythia intermedia* Vahl, *Heuchera micrantha* Douglas ex Lindl., *Syringa vulgaris* L. культивировались на агаризованной среде WPM (Woody Plant Medium, *Duchefa Biochemie*, the Netherlands), дополненной 3 % сахарозой, 2 % активированным углем, 0,9 % агаром (рН 5,8). При культивировании *Phalaenopsis × hybrida* Blume использовалась среда Orchimax (*Duchefa Biochemie*), дополненная 3 % сахарозой, 2 % активированным углем, 0,9 % агаром (рН 5,5). Растения культивировались в стандартизованных условиях: искусственное освещение циклами 16/8 (свет/темнота) при температуре  $(26 \pm 2)^\circ\text{C}$  и влажности 70–80 %. При культивировании *in vitro* проводились регулярные пересадки на новую питательную среду. Когда полностью были сформированы 5–6 листьев и достаточно разрастались корни, растения пересаживались в грунт.

В качестве субстрата для выведения растений *ex vitro* следует применить смесь торф – песок – вермикулит в соотношении 2 : 1 : 2 (по объему). Предпочтительны крупнозернистый вермикулит с гранулами размером не менее 5 мм и верховой торф с показателем рН не ниже 5,6 (рыхлый, коричневого цвета), допускается наличие фрагментов древесины и корней. При культивировании черенков *Thuja occidentalis* L., полученных с маточных плантаций, в качестве субстрата рекомендуется использовать смесь торфа с вермикулитом в соотношении 1 : 1.

Для обучения нейронной сети были созданы базы данных цифровых изображений, регистрация которых осуществлялась в лабораторных условиях при постоянном освещении, с четырех позиций

и в полевых условиях в различное время суток для того, чтобы нейронная сеть смогла распознавать вид и физиологическое состояние растений вне зависимости от внешних условий. Методика регистрации изображений близка к экспериментам, описанным в [37]. Каждое цифровое изображение анализировалось специалистами, которые выставляли оценку, характеризующую физиологическое состояние растения от 0 до 1 (0 – погибшее растение, 1 – полностью здоровое). Помимо этого, изображения растений были сгруппированы по видовым характеристикам для возможности обучения нейронной сети определению таксона. Растения были проанализированы на разных стадиях жизненного цикла для обеспечения возможности распознавания объектов во время онтогенетических изменений.

## Результаты и их обсуждение

Распространенная архитектура систем машинного обучения MobileNet использовалась как основа нейронной сети [38]. Она является одной из наиболее эффективных для решения задач обработки изображений. При разработке нейронной сети также применялись вспомогательные методы, позволяющие повысить точность анализа и добиться более быстрой «сходимости» во время обучения. Среди них – ReLU (Rectified Linear Unit), инициализация Xavier, Batch Normalization и дополнение обучающего набора деформированными данными. Tensorflow и Keras использовались для реализации модели на базе MobileNet. Эти инструменты обеспечивают помочь в описании, обучении и обслуживании нейронных сетей [39]. Архитектура нейронной сети представлена на схеме (рис. 1).

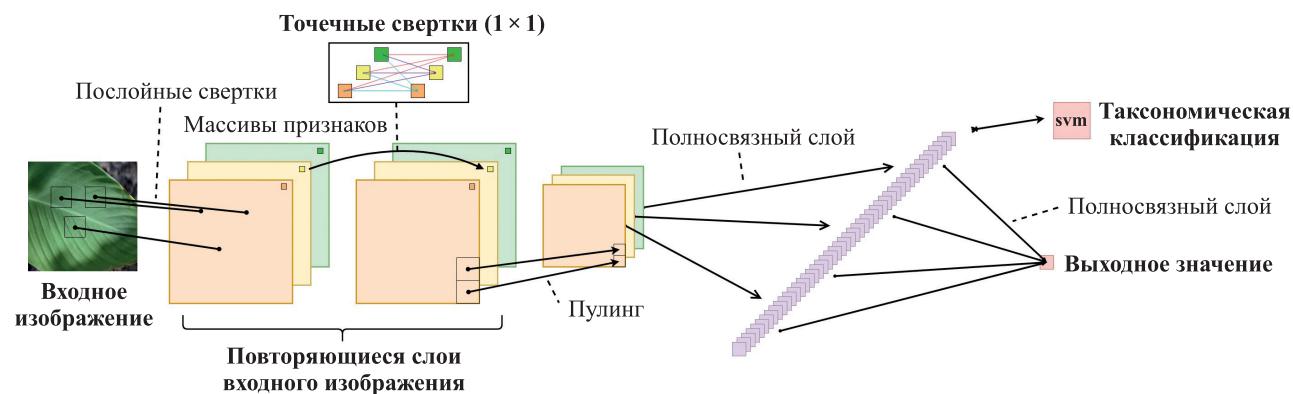


Рис. 1. Анализ изображений растений с использованием сверточной нейронной сети

Fig. 1. Plant images analysis using a convolutional neural network

Разработанная программа включает в себя ряд этапов, в которых нейронная сеть принимает изображение растения в качестве входных данных, анализирует его и создает 1024-мерное вложение. SVM (метод опорных векторов) принимает вложение изображения и относит его к известному декоративному виду [40]. Так как вложения могут быть линейно неразделяемы, в качестве ядра SVM используется RBF (Radial Basis Function) [41]. Дополнительный слой нейронной сети принимает на вход 1024-мерное вложение и генерирует выходное значение, описывающее физиологическое состояние растения в диапазоне от 0 до 1. Полученные нейронной сетью результаты сравнивались с результатами специалистов-биологов. Коэффициент детерминации ( $R^2$ ) определения физиологического состояния составил 0,66 (рис. 2). Стоит отметить, что коэффициент, полученный между оценками двух групп специалистов, равнялся 0,85. Показатель стандартного отклонения ( $p = 0,019$ ) свидетельствовал о достоверности полученных результатов.

Нейронная сеть была способна классифицировать входное изображение с растением и соотносить его с уже изученными группами видов растений. Обученная нейронная сеть (рис. 3) демонстрировала высокое качество распознавания таксономических особенностей репрезентативных декоративных видов (90,8 %).

Современные алгоритмы машинного обучения, такие как нейронные сети, обладают способностью самостоятельно находить нелинейные закономерности в данных, что делает применение статистической обработки избыточным [42]. Так как тестирование сверточных нейронных сетей необходимо проводить на большом количестве исследуемых объектов, то для повышения эффективности нейросети используемая база данных не была разделена на выборки, и, как следствие, в данной работе статистический анализ не проводился.

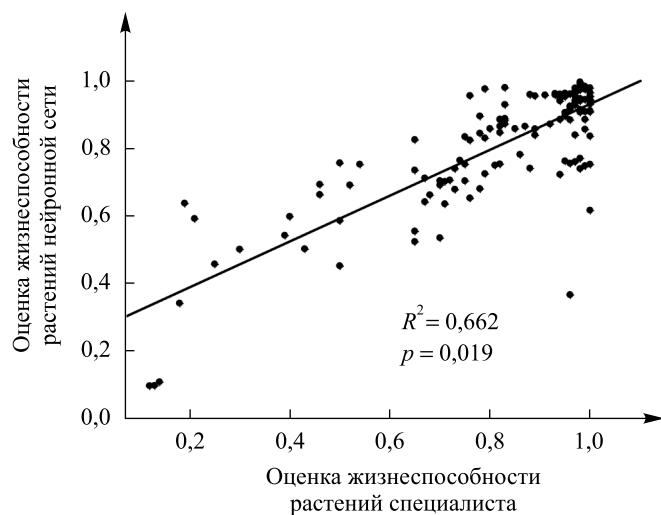


Рис. 2. Пример выявления корреляции между оценками физиологического состояния растений, выставленными человеком и нейронной сетью (линейная регрессия)

Fig. 2. Example of detecting a correlation between the estimates of the physiological state of plants, exposed by human and neural network (linear regression)

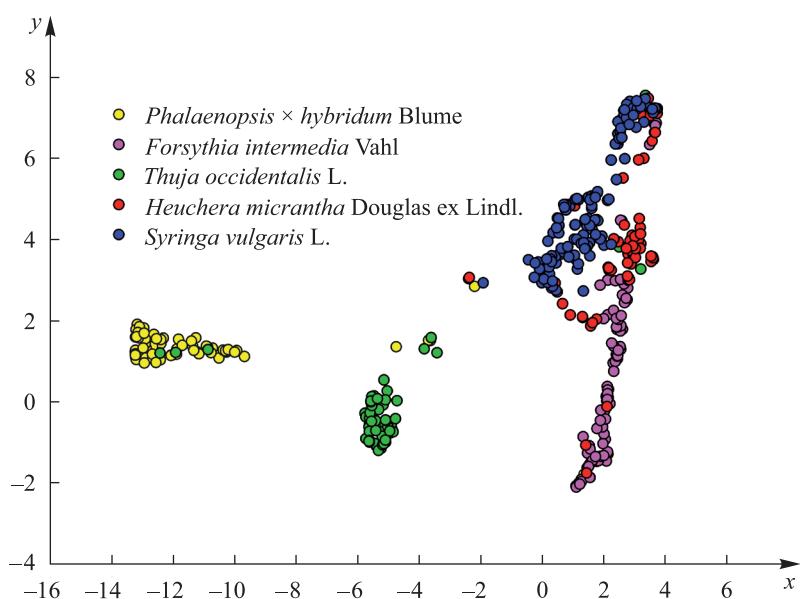


Рис. 3. Специфические видовые признаки растений, выявленные с использованием сверточной нейронной сети на базе алгоритма UMAP

Fig. 3. Specific species characteristics of plants identified by convolutional neural network based on the UMAP algorithm

Таким образом, в результате проведенных работ было разработано феномное приложение, основанное на методах компьютерного зрения и машинного обучения, для таксономической классификации и определения физиологического состояния декоративных растений различных групп. Точность таксономического классификатора (90,8 %) была близкой к подобным характеристикам, описанным в литературе. Например, нейронная сеть, разработанная в [25], определяющая восемь типов биотического и абиотического стрессов по изображениям листьев сои, давала точность определения в 94,1 %. Схожий классификатор, определяющий таксономическую принадлежность, демонстрировал 90 % [43]. Полученный в настоящей работе коэффициент детерминации физиологического состояния 0,66 (см. рис. 2) близок к коэффициентам, рассчитанным в [44] для нейронной сети, идентифицирующей возбудителей

заболеваний растений ( $R^2 = 0,5$ ). Некоторые источники указывают, что у подобных программ, использующих методы машинного обучения, коэффициент детерминации определения физиологического состояния в среднем составляет около 0,7 [45].

Результатом проделанной работы является первое в СНГ компьютерное приложение для фенотипирования декоративных растений на основе алгоритмов машинного обучения, в частности сверточных нейронных сетей. При ее испытании была продемонстрирована высокая точность определения видовой принадлежности *Thuja occidentalis* L., *Forsythia intermedia* Vahl, *Heuchera micrantha* Douglas ex Lindl., *Syringa vulgaris* L., *Phalaenopsis* × *hybridum* Blume (90,8 %). Это сравнительно высокий показатель для подобных систем. Показана также высокая степень корреляции (0,66) между оценками жизнеспособности декоративных растений, полученными от исследователя-специалиста, и нейронной сетью.

## Библиографические ссылки/References

1. Schilling CH, Edwards JS, Palsson BO. Toward metabolic phenomics: analysis of genomic data using flux balances. *Biotechnology Progress*. 1999;15(3):288–295. DOI: 10.1021/bp9900357.
2. Deans AR, Lewis SE, Huala E, Anzaldo SS, Ashburner M, Balhoff JP, et al. Finding our way through phenotypes. *PLOS Biology*. 2015;13(1):14–29. DOI: 10.1371/journal.pbio.1002033.
3. Gerlai R. Phenomics: fiction or the future? *Trends in Neurosciences*. 2002;25(10):506–509. DOI: 10.1016/S0166-2236(02)02250-6.
4. Houle D, Govindaraju DR, Omholt S. Phenomics: the next challenge. *Nature Reviews Genetics*. 2010;11:855–866. DOI: 10.1038/nrg2897.
5. Grobkinsky DK, Svensgaard J, Christensen S, Roitsch T. Plant phenomics and the need for physiological phenotyping across scales to narrow the genotype-to-phenotype knowledge gap. *Journal of Experimental Botany*. 2015;66(18):5429–5440. DOI: 10.1093/jxb/erv345.
6. Reuzeau C. TraitMill (TM): A high throughput functional genomics platform for the phenotypic analysis of cereals. *In Vitro Cellular & Developmental Biology – Animal*. 2007;43(4):20–24.
7. Ubbens JR, Stavness I. Deep plant phenomics: a deep learning platform for complex plant phenotyping tasks. *Frontiers in Plant Science*. 2017;8:1190. DOI: 10.3389/fpls.2017.01190.
8. Mirowski P, LeCun Y. Statistical machine learning and dissolved gas analysis: a review. *IEEE Transactions on Power Delivery*. 2012;27(4):1791–1799. DOI: 10.1109/TPWRD.2012.2197868.
9. Hof RD. Deep learning. With massive amounts of computational power, machines can now recognize objects and translate speech in real time. *Artificial intelligence is finally getting smart. MIT Technology Review*. 2013;116(2):78–86.
10. Libbrecht MW, Noble WS. Machine learning applications in genetics and genomics. *Nature Reviews Genetics*. 2015;16:321–332. DOI: 10.1038/nrg3920.
11. Raj MP, Jatinderkumar RS, Swaminarayan P. Compartmentalization of new released and old wheat cultivars (*Triticum durum* & *Triticum aestivum*) of Gujarat region of India by employing computer. *Smart Trends in Information Technology and Computer Communications*. 2016;628:1–10. DOI: 10.1007/978-981-10-3433-6\_1.
12. Namin ST, Esmailzadeh M, Najafi M, Brown TB, Borevitz JO. Deep phenotyping: deep learning for temporal phenotype/genotype classification. *Plant Methods*. 2008;14:1–16. DOI: 10.1186/s13007-018-0333-4.
13. Arvidsson S, Pérez-Rodríguez P, Mueller-Roeber B. Growth phenotyping pipeline for *Arabidopsis thaliana* integrating image analysis and rosette area modeling for robust quantification of genotype effects. *New Phytologist*. 2011;191:895–907. DOI: 10.1111/j.1469-8137.2011.03756.
14. Rolfe A, Scholes D. Chlorophyll fluorescence imaging of plant-pathogen interactions. *Protoplasma*. 2010;247:163–175. DOI: 10.1007/s00709-010-0203-z.
15. Sharkey D, Sarathi M, Weraduwage JC, Fransisca C, Anozie AM, Sean E. The relationship between leaf area growth and biomass accumulation in *Arabidopsis thaliana*. *Frontiers in Plant Science*. 2015;194:59–68. DOI: 10.3389/fpls.2015.00167.
16. Clark RT, MacCurdy RB, Jung JK, Shaff JE, McCouch SR, Aneshansley DJ, et al. Three-dimensional root phenotyping with a novel imaging and software platform. *Plant Physiology*. 2011;156(2):455–465. DOI: 10.1104/pp.110.169102.
17. Slovak R, Göschl C, Su X, Shimotani K, Shiina T, Busch W. A scalable open-source pipeline for large-scale root phenotyping of *Arabidopsis*. *Plant Cell*. 2014;26:2390–2403. DOI: 10.1105/tpc.114.124032.
18. Vello E, Tomita A, Diallo AO, Bureau TE. A comprehensive approach to assess *arabidopsis* survival phenotype in water-limited condition using a non-invasive high-throughput phenomics platform. *Frontiers in Plant Science*. 2015;6:1101–1120. DOI: 10.3389/fpls.2015.01101.
19. DeChant C, Wiesner-Hanks T, Chen SY, Stewart EL, Yosinski J, Gore MA, et al. Automated identification of northern leaf blight-infected maize plants from field imagery using deep learning. *Phytopathology*. 2017;107(11):1426–1432. DOI: 10.1094/PHYTO-11-16-0417-R.
20. Price AH, Jones HJ, Serraj R, Loveys BR, Xiong L, Wheaton A. Thermal infrared imaging of crop canopies for the remote diagnosis and quantification of plant responses to water stress in the field. *Functional Plant Biology*. 2009;36:978–989. DOI: 10.1071/FP09123.
21. Grieder C, Walter A, Hund A. Image based phenotyping during winter: a powerful tool to assess wheat genetic variation in growth response to temperature. *Functional Plant Biology*. 2015;42:387–402. DOI: 10.1071/FP14226.
22. Walter A, Studer B, Kölliker R. Advanced phenotyping offers opportunities for improved breeding of forage and turf species. *Annals of Botany*. 2012;110:1271–1279. DOI: 10.1093/aob/mcs026.
23. Lawrence S, Giles CL, Tsui AC, Back AD. Face recognition: a convolutional neural-network approach. *IEEE Transactions on Neural Networks*. 1997;8(1):98–113. DOI: 10.1109/72.554195.

24. Kuzniecky R, Madhavan D, LeCun Y, Mirowski PW. Comparing SVM and convolutional networks for epileptic seizure prediction from intracranial EEG. In: *Proceedings of the 2008 IEEE Workshop on Machine Learning for Signal Processing, MLSP 2008*. Cancun: [publisher unknown]; 2008. p. 244–249. DOI: 10.1109/MLSP.2008.4685487.
25. Ghosal S, Blystone D, Singh AK, Ganapathy Subramanian B, Sarkar S. An explainable deep machine vision framework for plant stress phenotyping. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2018;115(18):4613–4618. DOI: 10.1073/pnas.1716999115.
26. Gehan MA, Fahlgren N, Abbasi A, Berry JS, Callen ST, Chavez L, et al. PlantCV v2: Image analysis software for high-throughput plant phenotyping. *PeerJ*. 2017;5:54–79. DOI: 10.7717/peerj.4088.
27. Kraus OZ, Grys BT, Ba J, Chong Y, Frey BJ, Boone C, et al. Automated analysis of high-content microscopy data with deep learning. *Molecular Systems Biology*. 2017;13(4):924–937. DOI: 10.15252/msb.20177551.
28. Uzal LC, Grinblat GL, Namias R, Larese MG, Bianchi JS, Morandi EN, et al. Seed-per-pod estimation for plant breeding using deep learning. *Computers and Electronics in Agriculture*. 2018;150:196–204. DOI: 10.1016/j.compag.2018.04.024.
29. Xu R, Li CY, Paterson AH, Jiang Y, Sun SP, Robertson JS. Aerial images and convolutional neural network for cotton bloom detection. *Frontiers in Plant Science*. 2018;8:2235. DOI: 10.3389/fpls.2017.02235.
30. Khan Z, Rahimi-Eichi V, Haefele S, Garnett T, Miklavcic SJ. Estimation of vegetation indices for high-throughput phenotyping of wheat using aerial imaging. *Plant Methods*. 2018;14(1):20–34. DOI: 10.1186/s13007-018-0287-6.
31. König IR, Auerbach J, Gola D, Held E, Holzinger ER, Legault MA, et al. Machine learning and data mining in complex genomic data – a review on the lessons learned in Genetic Analysis Workshop. *BMC Genetics*. 2016;17:49–56. DOI: 10.1186/s12863-015-0315-8.
32. Gutierrez S, Novales JF, Diago MP, Tardaguila J. On-the-go hyperspectral imaging under field conditions and machine learning for the classification of grapevine varieties. *Frontiers in Plant Science*. 2018;9:1102–1113. DOI: 10.3389/fpls.2018.01102.
33. Xiong X, Duan LF, Liu LB, Tu HF, Yang P, Wu D, et al. Panicle-SEG: a robust image segmentation method for rice panicles in the field based on deep learning and superpixel optimization. *Plant Methods*. 2017;104(13):1–15. DOI: 10.1186/s13007-017-0254-7.
34. Jin S, Su Y, Gao S, Wu F, Hu T, Liu J, et al. Deep learning: individual maize segmentation from terrestrial lidar data using faster RCNN and regional growth algorithms. *Frontiers in Plant Science*. 2018;9:866–879. DOI: 10.3389/fpls.2018.00866.
35. Bai G, Jenkins S, Graef GL, Ge Y. Field-based scoring of Soybean iron deficiency chlorosis using RGB Imaging and Statistical Learning. *Frontiers in Plant Science*. 2018;9:1002–1014. DOI: 10.3389/fpls.2018.01002.
36. Komyshov E, Genaev M, Afonnikov D. Evaluation of the SeedCounter, a mobile application for grain phenotyping. *Frontiers in Plant Science*. 2017;7:1–9. DOI: 10.3389/fpls.2016.01990.
37. Mellit A, Pavan AM. A 24-h forecast of solar irradiance using artificial neural network: Application for performance prediction of a grid-connected PV plant at Trieste, Italy. *Solar Energy*. 2010;84(5):807–821. DOI: 10.1016/j.solener.2010.02.006.
38. Navaratnarajah S, Saeed A, Dianati M, Imran M. Energy efficiency in heterogeneous wireless access networks. *IEEE Wireless Communications*. 2013;20(5):37–43. DOI: 10.1109/MWC.2013.6664472.
39. Rampasek L, Goldenberg A. TensorFlow: Biology’s Gateway to Deep Learning? *Cell Systems*. 2016;2(1):12–14. DOI: 10.1016/j.cels.2016.01.009.
40. Suykens JAK, Vandewalle J. Least squares support vector machine classifiers. *Neural Processing Letters*. 1999;9(3):293–300. DOI: 10.1023/A:1018628609742.
41. Ghosh-Dastidar S, Adeli H, Dadmehr N. Principal component analysis-enhanced cosine radial basis function neural network for robust epilepsy and seizure detection. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*. 2008;55(2):512–518. DOI: 10.1109/TBME.2007.905490.
42. Henaff M, Bruna J, LeCun Y. Deep convolutional networks on graph-structured data. 2015. arXiv:1506.05163 [cs.LG].
43. Gang SW, Sheng FB, You EX, Wang Y, Chang Y, Xiang O. A leaf recognition algorithm for plant classification using probabilistic neural network. In: *IEEE International Symposium on Signal Processing and Information Technology. Proceedings of the conference; 2007 December 15–18; Giza, Egypt*. Giza: IEEE; 2007. p. 11–16. DOI: 10.1109/ISSPIT.2007.4458016.
44. Camargo A, Smith JS. Image pattern classification for the identification of disease causing agents in plants. *Computers and Electronics in Agriculture*. 2009;66(2):121–125. DOI: 10.1016/j.compag.2009.01.003.
45. Sankaran S, Mishra A, Ehsani R, Davis C. A review of advanced techniques for detecting plant diseases. *Computers and Electronics in Agriculture*. 2010;72(1):1–13. DOI: 10.1016/j.compag.2010.02.007.

Статья поступила в редакцию 25.01.2019.  
Received by editorial board 25.01.2019.