и *in vitro*, а также определения степени укоренения в условиях *in vitro*. Для реализации моделей нейронных сетей был использован язык программирования Python3, фреймворк TensorFlow и специализированные библиотеки для визуализации результатов (Pandas, Matplotlib и др.). Разработаны оригинальные системы получения и обработки изображений, а также последующего формирования баз данных, необходимых для обучения нейронных сетей. Создано 4 группы платформ фенотипирования на основе нейронных сетей, отличающихся по техническим подходам, объекту и задачам. Использовано более 100000 изображений *Heuchera* sp., *Hydrangea* sp., *Potentilla* sp., *Hosta* sp., *Berberis* sp., *Betula* sp., *Cornus* sp., *Salix* sp., *Rubus* sp., *Physocarpus* sp., *Syringa* sp., *Spiraea* sp., *Forsythia* sp., *Philadelphus* sp., *Picea* sp., *Juniperus* sp., *Thuja* sp. и других видов растений. База данных была построена из 25 различных классов, каждый из которых соответствовал отдельному виду или сорту. Созданные на базе нейронных сетей феномные системы показали высокий уровень точности при сортовидовой верификации декоративных растений, определении уровня стрессированности (физиологической жизнеспособности) растений, количественного анализа поражения патогенами (септория, фитофтора, парша, ржавчина, черная гниль и др.), анализ ростовых параметров растений в условиях *in vitro* внутри стерильных культивационных сосудов, пластиковых чашках (*Arabidopsis thaliana*, *Triticum aestivum*, *Pisum sativum* и др.) и водных культурах. Разработанные системы позволяют проводить автоматический анализ скорости роста корневой системы генетически отличных растений (природных экотипов, нокаутов по определенным генам и др.) в ответ на регуляторы роста, стрессоры и другие воздействия. Продемонстрирована возможность использования разработанной феномной платформы для проведения ускоренного скрининга генотипов растений с заданными свойствами.

Сессия 2

Формирование внутри- и межвидовой изменчивости лесных древесных растений и фитопатогенных грибов

Падутов В.Е.* , Баранов О.Ю.

Институт леса НАН Беларуси, Гомель, Беларусь

*E-mail: forestgen@mail.ru

Процессы формирования генетической изменчивости лесных древесных растений и фитопатогенных грибов на молекулярном уровне являются сходными, и обусловлены, преимущественно, особенностями нуклеотидной структуры локусов ДНК. Уровень изменчивости ДНК-локусов в первую очередь определяется их индивидуальными структурно-функциональными характеристиками, а не принадлежностью к определенному типу маркеров. Отличительной особенностью фитопатогенных грибов от лесных древесных растений на надгенном уровне, является превалирование у них среди мультикопийных локусов генов вторичного метаболизма, к которым относятся и факторы патогенности и вирулентности. В то же время гены первичного метаболизма имеют сходный порядок копийности. Популяционная структура лесных древесных растений характеризуется высоким уровнем генотипического разнообразия и низкой степенью межпопуляционной подразделенности. У фитопатогенных микромицетов уровень генотипической гетерогенности внутри популяций является низким или отсутствует, а внутривидовая изменчивость главным образом связана с формированием межпопуляционных различий. Основными факторами, определяющими интенсивность протекания процессов видообразования и их особенности у лесных древесных растений и фитопатогенных грибов, являются: особенности смены ядерных фаз в ходе онтогенеза, степень генетической подразделенности и дифференциации популяций, продолжительность жизненного цикла.