

35. Феррис, АМ; Ротамер, Д.А. Методология экспериментального измерения кривых равновесной перегонки пар-жидкость с использованием модифицированной установки ASTM D86. Топливо 2016 , 182 , 467–479.
36. ASTM D1160; Стандартный метод испытаний для перегонки нефтепродуктов при пониженном давлении. S&P Global: New York, NY, USA, 2018. Доступно в Интернете: [https://global.ihs.com/doc\\_detail.cfm?document\\_name=ASTM%20D1160&item\\_s\\_key=00015470](https://global.ihs.com/doc_detail.cfm?document_name=ASTM%20D1160&item_s_key=00015470) (по состоянию на 8 апреля 2022 г.).
37. Модис, С.; Панвар, А.; Мид, Дж. Л.; Барри, СМФ Влияние молекулярной массы на электрофоретическое осаждение наночастиц сажи в умеренно вязких системах. Ленгмюр 2013 , 29 , 9702–9711.
38. Этуни, Х.М.; Факиха, А.Х.; Хелал, А.; Хьюз, Р. Факторы, влияющие на обогащение природного газа полимерными мембранами. J. King Saud Univ.-Eng. науч. 1995 г. , 7 (Приложение S1), 35–60.
39. Грин, Дж. П. Микроструктуры полимеров. В библиотеке дизайна пластмасс, автомобильных пластмассах и композитах; Джозеф, П., изд.; Издательство Уильяма Эндру: Грин, Нью-Йорк, США, 2021 г.; стр. 27–37. ISBN 9780128180082.
40. Чем Пердью. n Критическая температура и давление. Доступно в Интернете: <https://www.chem.purdue.edu/gchelp/liquids/critical.html> (по состоянию на 8 апреля 2022 г.).
41. Ли, Х.; Агирре-Вильегас, Гамбург; Аллен, РД; Бай, Х.; Бенсон, СН; Бекхэм, GT; Брэдшоу, С.Л.; Браун, Дж. Л.; Браун, RC; Секон, В.С.; и другие. Расширение технологий переработки пластмасс: химические аспекты, состояние технологий и проблемы. Зеленый хим. 2022.

© А.Н. Тулибаев, С.Ш. Рахматов, К.И. Додоев, Р.А. Кемалов, 2023

---

## БИОЛОГИЧЕСКИЕ НАУКИ

УДК 58.084.1, 62.13.27

Бирюков Д.В.,  
аспирант кафедры биологии «Белгородский национальный исследовательский университет»,  
г. Белгород  
Тохтарь В.К.,  
директор научно-образовательного центра «Ботанический сад» НИУ «БелГУ», г. Белгород  
Третьяков М.Ю.,  
заведующий лабораторией генетики и селекции растений научно-образовательного центра  
«Ботанический сад НИУ «БелГУ», г. Белгород

### ОЦЕНКА МОРФОЛОГИЧЕСКИХ ПАРАМЕТРОВ МИКРОКЛОНОВ *SYRINGA VULGARIS* L. С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ТЕХНОЛОГИИ МАШИННОГО ЗРЕНИЯ ДЛЯ ОПРЕДЕЛЕНИЯ СОРТОВ

**Введение.** В современных исследованиях огромное внимание уделяется проблеме изучения структуры генома растений [1, 2]. Проведение таких исследований позволяет выявить генетические детерминанты, определяющие хозяйственно ценные признаки, понять механизмы работы генов [3, 4], определить популяционную изменчивость [5], проводить на ранних стадиях развития растений идентификацию сортов [6, 7], а также расширить представления об организации генетического материала, путях и закономерностях его эволюции [8].

Широко используемые в настоящее время подходы прямой генетики, при которых гены идентифицируются по кодируемым признакам, сменяются методами обратной генетики, когда анализируют не фенотип и его генетические детерминанты, а сама последовательность ДНК и выявляются ее фенотипические эффекты [9, 10]. Смена парадигмы обусловлена тем, что методические приемы прямой генетики применимы только для моногенных признаков. Однако в большинстве случаев свойства биологических объектов полигенны и формируются в результате совокупного действия нескольких генов, или же фенотипические проявления могут быть следствием мутаций разных генов [66]. В связи с этим константность признаков полученного селекционного

материала, линии или сорта должна быть проверена в полевых условиях, так как присутствие в геноме желательного гена, подтвержденное молекулярными методами, не всегда приводит к формированию ценного для селекции признака [11]. Кроме того, при анализе качественных и количественных морфологических признаков необходимо учитывать модификационную изменчивость, обусловленную действием разнообразных факторов внешней среды [12, 13].

В качестве важнейших морфологических признаков при фенотипировании растений можно выделить размер растения, тип расположения листьев, форму и площадь листовой пластинки. В настоящее время существуют автоматизированные платформы, позволяющие проводить определение видов растений по фотографиям, например INaturalist (<https://www.inaturalist.org/>) и PlantNet (<https://plantnet.org/>). Однако точность фенотипирования в данном случае зависит от объема накопленного фотоматериала (количества и качества фотографий, выполненных в разные фазы вегетации растений), частоты встречаемости определяемого вида в изучаемой местности, а также фактического подтверждения его идентификации при натурных наблюдениях специалистами [14]. Таким образом, при использовании автоматизированных платформ можно определить виды растений при достаточной наполненности базы, но не удастся оценить модификационную изменчивость морфологических признаков, а также определять сорта.

Несомненно, что автоматизация процессов фенотипирования, проводимого как в лабораторных, так и в полевых условиях не только значительно ускорит оценку селекционного материала, но и позволит повысить гомогенность отобранных растений при работе с однолетними культурами [15], а также проводить оценку сортовой чистоты микроклонов. Несмотря на множество публикаций об использовании 3D-сканеров для оценки морфологических и физиологических параметров [16, 17], в литературе достаточно поверхностно освещены вопросы, связанные с идентификацией сортов микроклонов декоративных культур.

Целью работы было выявление морфологических параметров микроклонов сирени с использованием технологии машинного зрения для оценки возможности идентификации сортов.

**Материалы и методы.** При измерениях морфологических признаков выборка каждого сорта составляла 8 микроклонов *Syringa vulgaris* L. Сканирование растений проводилось один раз в неделю в течение 6 недель на мультиспектральной 3D установке PlantEye F500 («Phenosrex», Нидерланды) (оборудование УНУ Ботанический сад Белгородского государственного национального исследовательского университета, <https://ckp-rf.ru/usu/200997/>). Оценка значений каждого признака проводилась по средним значениям, полученным в результате 48 измерений. В качестве морфологических признаков использовались: цифровая биомасса (Digital Biomass), см<sup>3</sup>; высота (Height), мм; угол наклона листьев растения (Leaf Angle), от 0 до 90°; глубина проникновения света в листья растения (Light Penetration Depth), мм.

Для обработки полученных данных использовалась программное обеспечение PlantEye F500 HortControl. Для статистической обработки данных использовали Microsoft excel 365, а также программный продукт STATISTICA.

**Результаты и обсуждение.** Цифровая биомасса – показатель, рассчитываемый как произведение высоты и 3D площадь листа при условии, что растение имеет форму, объем которой можно рассчитать с учетом высоты и длины в см<sup>3</sup> (рис. 1).

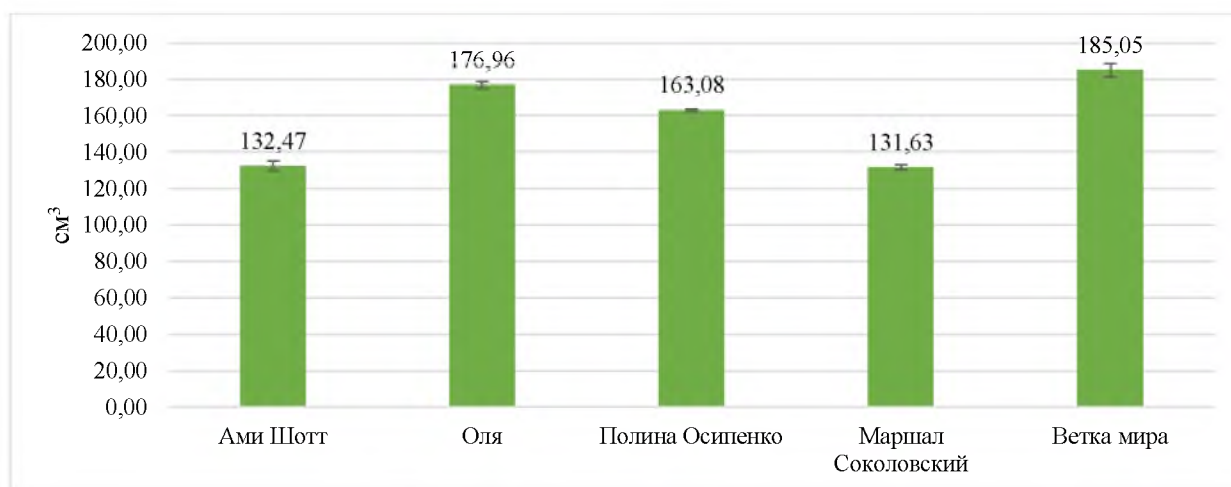


Рис. 1. Цифровая биомасса сортов *Syringa vulgaris* L.

В ходе проведенного исследования было установлено, что цифровая биомасса статистически достоверно различалась у всех исследуемых сортов сирени кроме Ами шот и маршал Соколовский различия, которых находились на уровне ошибки. Таким образом, данный параметр является одним из наиболее перспективных для оценки микроклонов сортов *Syringa vulgaris* L.

Высота растений является одним из ключевых признаков, определяющих габитус и, хотя этот признак не является индивидуальным для каждого сорта, однако он позволяет сформировать, как правило сходные группы растений и, следовательно, может использоваться при идентификации сортов в комбинации с другими признаками (рис. 2).

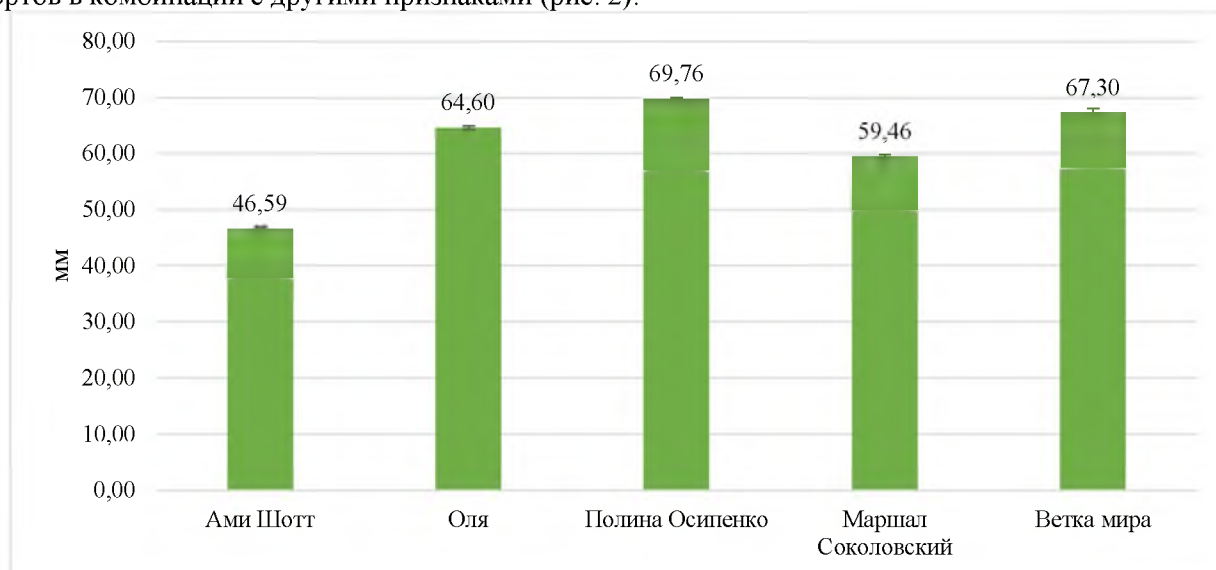


Рис. 2. Высота сортов *Syringa vulgaris* L.

Морфологический признак Высота не может полноценно использоваться для оценки в полевых исследованиях, так как будет определяться почвенными и климатическими условиями выращивания, однако при оценке микроклонов, которые развиваются в идентичных условиях, можно отметить, возможность его использования при оценке сортов на стадии после адаптации, а в совокупности с другими признаками в частности цифровой биомассой могут формироваться вполне определенные морфологические профили.

Угол наклона листьев при сканировании Plant Eye F500 рассчитывается как средневзвешенное значение каждого листа, которое и выдает на выходе прибор после проведения сканирования (рис. 3).

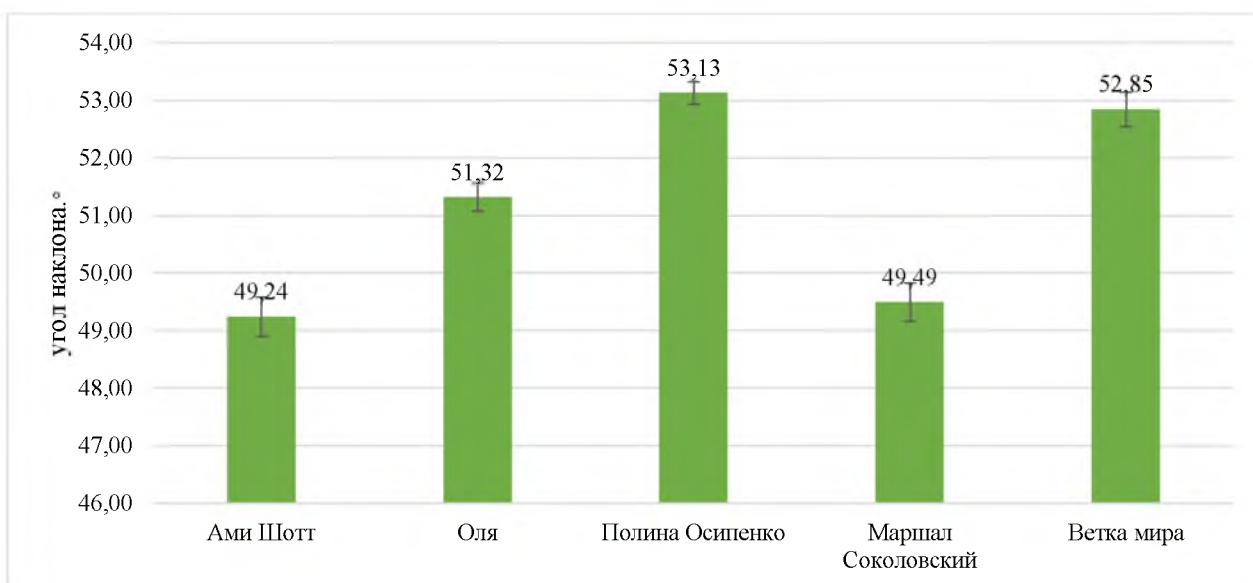


Рис. 3. Угол наклона листьев сортов *Syringa vulgaris* L.

Угол наклона листа связан с архитектурой растений, которая с одной стороны детерминирована генотипическими особенностями, а с другой особенностями культивирования микроклонов: режимом освещения, расположением светильников, а также расположением растений в парнике. Таким образом, несмотря на существующие достоверные различия у различных сортов за исключением сорта Ами Шотт и маршала Соколовского данный параметр необходимо продолжать тестировать, учитывая особенности, которые могут на него влиять, чтобы выявить вклад генотипа в его формирование.

Глубина проникновения света отражает насколько глубоко свет может проникать сквозь листья. В результате сканирования Plant Eye находит самую низкую точку проникновения лучей лазера сквозь листья растения и среднее значение высоты. В результате этого получается значение, которое обрезается с обоих концов, чтобы удалить артефакты сканирования: нижние усредняются на 20%, а верхние на 10%. Таким образом, глубина проникновения света определяется как расстояние между верхним и нижним средними значениями (рис. 4).

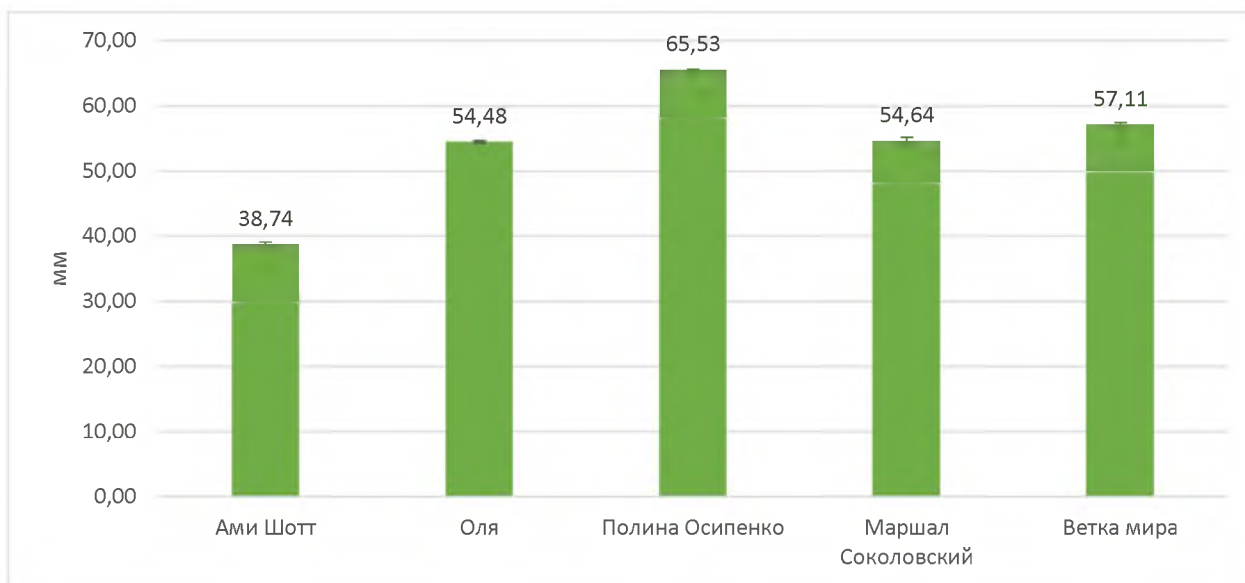


Рис. 4. Глубина проникновения света у сортов *Syringa vulgaris* L.

Глубина проникновения света, связана с архитектурой растения, обусловленной расположением листьев, углом их наклона и даже площадью листовой поверхности, о чем свидетельствует высокая степень корреляции между углом наклона листьев и глубиной проникновения света у изученных сортов 0,8. Наиболее близкие значения имели сорт Оля и Маршал Соколовский.

Результаты сканирования по морфологическим показателям, полученным по средним значениям в результате культивирования растений в течение 6 недель, использовались для кластерного анализа и возможности установления формирования индивидуальных фенетических карт сортов на основе полученных данных рис. 5.

Проведенный кластерный анализ позволил разделить полученные сорта на две большие группы. По окраске цветов в первую группу вошли сорта Ами шотт (голубоватая) и Маршал Соколовский (пурпурная), относящиеся к темным тонам, а во вторую группу сорта более светлых оттенков Оля (сиреневая), Ветка мира (белая) и Полина Осипенко (белая).

Анализ полученных средних значений в редакторе Microsoft excel 365 позволил получить цветовые оценочные шкалы по каждому сорту исходя из максимальных (зеленые) и минимальных (красные) значений указанного признака (табл.).

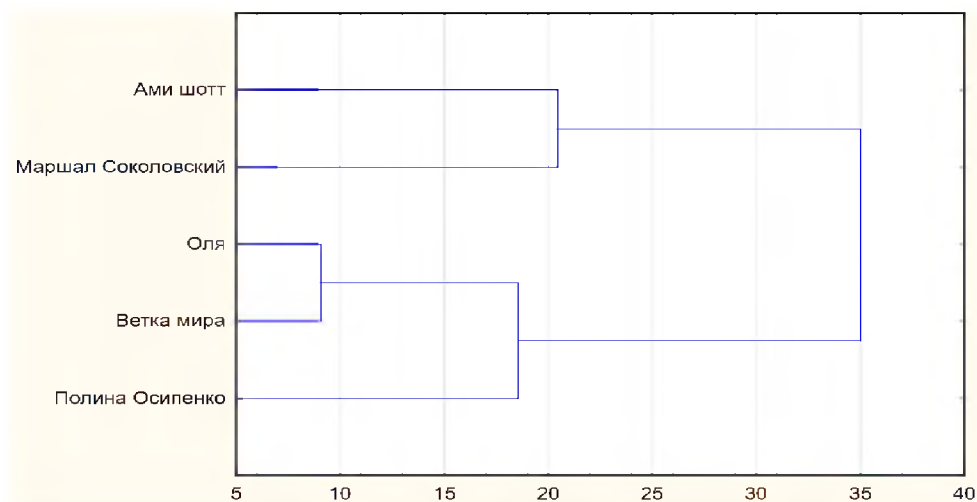


Рис. 5. Дендрограмма, отражающая степень сходства по морфологическим признакам сортов *Syringa vulgaris* L.

Таблица – Цветовая оценочная шкала по сортам *Syringa vulgaris* L.

Морфологический параметр	Сорта <i>Syringa vulgaris</i> L.				
	Ами Шотт	Оля	Полина Осипенко	Маршал Соколовский	Ветка мира
Цифровая биомасса	132.47	176.96	163.08	131.63	185.05
Высота	46.59	64.60	69.76	59.46	67.30
Угол наклона листьев	49.24	51.32	53.13	49.49	52.85
Глубина проникновения	38.74	54.48	65.53	54.64	57.11

Из представленной таблицы видно, что сорт Ами Шотт имеет минимальные значения признаков в исследуемой группе сортов, а Полина Осипенко по большей части признаков максимальные значения. При этом оба эти сорта относятся к махровым сиреням, следовательно, степень махровости по полученным предварительным данным не коррелирует ни с одним из исследуемых морфологических признаков.

Полученные результаты позволяют сделать предварительный вывод о возможности использования установки PlantEye F500 для идентификации и подтверждения сортовой частоты материала по группам сортов, полученных методом *in vitro*. Для их идентификации необходимо создание базы данных изменчивости морфологических признаков и составление фенетических профилей растений.

*Исследование выполнено при поддержке гранта Министерства науки и высшего образования РФ № FZWG-2021-0018 в рамках государственного задания по теме «Разработка и внедрение в практику комплексных физико-химических методов оценки состояния растений для решения задач направленного формирования устойчивых культурфитоценозов различного функционального назначения в условиях промышленных и аграрных предприятий» для создания лаборатории физико-химических методов исследования растений.*

#### Список использованной литературы:

1. Bennett M.D., Leitch I.J. Plant genome size research: a field in focus // *Annals of Botany*, 2005, 95(1): 1-6.
2. Kumar J., Rai K.M. Research advances in plant genomics // *All Life*, 2021, 11: 1313.
3. Дьяченко Е.А., Кулакова А.В., Кочиева Е.З., Щенникова А.В. Вариабельность геномных RGA-локусов современных отечественных сортов картофеля: данные NBS-МАРКИРОВАНИЯ // *Сельскохозяйственная биология*, 2021, 56(1): 32-43.

4. Кирьянова О.Ю., Кулуев Б.Р., Кулуев А.Р., Марданшин И.С., Губайдуллин И.М., Чемерис А.В. Мультиплексный IN SILICO RAPD-анализ ряда родственных растений с отличающимися размерами геномов и перспективы такого подхода для ДНК-паспортизации сортов сельскохозяйственных растений // Биомика, 2020, 12(2): 194-210.
5. Пономарева М.Л., Пономарев С.Н., Тагиров М.Ш., Гильмуллина Л.Ф., Маннапова Г.С. Генотипическая изменчивость содержания пентозанов в зерне озимой ржи // Сельскохозяйственная биология, 2017, 52(5): 1041-1048.
6. Рогозина Е.В., Терентьева Е.В., Потокина Е.К., Юркина Е.Н., Никулин А.В., Алексеев Я.И. Идентификация родительских форм для селекции картофеля, устойчивого к болезням и вредителям, методом мультиплексного ПЦР-анализа // Сельскохозяйственная биология, 2019, 54(1): 19-30.
7. Nakanwagi M.J., Sseremba G., Kabod N.P., Masanza M., Kizito E.B. Identification of growth stage-specific watering thresholds for drought screening in *Solanum aethiopicum* Shum. // Scientific Reports, 2020, 10: 862.
8. Heslop-Harrison J.S.P., Schwarzacher T. Organisation of the plant genome in chromosomes // The Plant journal: for cell and molecular biology, 2011. 66(1):18-33.
9. Endalkachew A. Review on forward and reverse genetics in plant breeding // All Life, 2021, 14(1):127-135.
10. Gilchrist E., Haughn G. Reverse genetics techniques: engineering loss and gain of gene function in plants // Briefings in functional genomics, 2010. 9(2): 103-110.
11. Crossa J., Fritsche-Neto R., Montesinos-Lopez Osva A., Costa-Neto G., Dreisigacker S., Montesinos-Lopez A., Bentley Alison R. The modern plant breeding triangle: optimizing the use of genomics, phenomics, and enviromics data // Frontiers in Plant Science, 2021. 12:1-6.
12. Болдырев М.И., Каширская Н.Я. Действие стрессовых факторов на растения // Защита и карантин растений. 2008. №. 4. С. 14–15.
13. Тохтарь В.К., Мазур Н.В. Изучение морфологических признаков популяций *Coryza canadensis* (L.) Scopq. на юго-западе среднерусской возвышенности // Научные ведомости Белгородского государственного университета. Серия: Естественные науки, 2011. 15/1(104): 249-253.
14. Серегин А.П., Бочков Д.А., Шнер Ю.В., Гарин Э.В., Майоров С.Р. и др. «Флора России» на платформе Inaturalist: большие данные о биоразнообразии большой страны // Журнал общей биологии, 2020, 81(3): 223-233.
15. Coppens F., Wuyts N., Inzé D., Dhondt S. Unlocking the potential of plant phenotyping data through integration and data-driven approaches // Current Opinion in Systems Biology, 2017, 4: 58-63.
16. Liu H., Bruning B., Garnett T., Berger B. Hyperspectral imaging and 3D technologies for plant phenotyping: From satellite to close-range sensing // Computers and electronics in agriculture, 2020. 175: 105621.
17. Naik H.S., Zhang J., Lofquist A., Assefa T., Sarkar S., Ackerman D., Singh A., Singh A.K., Ganapathysubramanian B. A real-time phenotyping framework using machine learning for plant stress severity rating in soybean // Plant Methods, 2017, 13 (23).

© Д.В. Бирюков, В.К. Тохтарь, М.Ю. Третьяков, 2023

---

УДК 577.21

Василенко Ю.Ю., Монтина И.М.,  
Омский государственный педагогический университет, г. Омск

## МОЛЕКУЛЯРНЫЕ КОРРЕКТОРЫ И ИХ ВЗАИМОСВЯЗЬ С НАЗЕМНЫМИ РАСТЕНИЯМИ

Молекулярные корректоры, так называемые белки — PPR-это белки, встречающиеся в растительном царстве с пентатрикопептидными повторами из 35-и аминокислот, повторяющиеся до 30 раз подряд. Семейство этих белков насчитывает более 400 членов и является самым распространенным и крупнейшим семейством белков наземных растений[1].

Данные белки участвуют в росте и развитии растений путем редактирования, стабилизации и сплайсинга РНК. Вместо исправления самого гена, белок PPR исправляет неточности в копиях ДНК и являются специалистами только по какой-то конкретной ошибке, которые появились в ходе