

**В. В. ЧЕРНУСЬКИЙ, С. М. МАНДРОВСЬКА, В. І. ГОРЕЛЕНКО,
М. М. МОШЕНКО, Н. Ф. ФІЛАТОВА, Н. А. МОСТЬОВНА,
Л. П. ЛЕВЧЕНКО**

**СТВОРЕННЯ СИНЕРГЕТИЧНО-КОМПОЗИТНИХ
СОРТІВ-СИНТЕТИКІВ ПРОСА ЗВИЧАЙНОГО
З ПІДВИЩЕНИМ РІВНЕМ ПРОДУКТИВНОСТІ
І АДАПТИВНОСТІ. ІННОВАЦІЙНА МЕТОДОЛОГІЯ
СТВОРЕННЯ ПОЛІПШЕНИХ ЗА КОМПЛЕКСОМ
ГОСПОДАРСЬКО-ЦІННИХ ОЗНАК ГІБРИДІВ
ПРОСА ЗВИЧАЙНОГО ШЛЯХОМ ЗАСТОСУВАННЯ
ПРОГРЕСИВНИХ ТЕХНОЛОГІЙ АНАЛІЗУ НАЩАДКІВ F1
НА ПЛАТФОРМІ ВИКОРИСТАННЯ ІННОВАЦІЙНИХ
МЕТОДІВ ТОЧНОГО ФЕНОТИПУВАННЯ**

НАУКОВО-МЕТОДИЧНІ РЕКОМЕНДАЦІЇ



КИЇВ 2025

**НАЦІОНАЛЬНА АКАДЕМІЯ АГРАРНИХ НАУК УКРАЇНИ
ІНСТИТУТ БІОЕНЕРГЕТИЧНИХ КУЛЬТУР І ЦУКРОВИХ БУРЯКІВ**

**В. В. Чернуський, С. М. Мандровська, В. І. Гореленко,
М. М. Мошенко, Н. Ф. Філатова, Н. А. Мостьовна,
Л. П. Левченко**

**СТВОРЕННЯ СИНЕРГЕТИЧНО-КОМПОЗИТНИХ
СОРТІВ-СИНТЕТИКІВ ПРОСА ЗВИЧАЙНОГО
З ПІДВИЩЕНИМ РІВНЕМ ПРОДУКТИВНОСТІ
І АДАПТИВНОСТІ. ІННОВАЦІЙНА МЕТОДОЛОГІЯ
СТВОРЕННЯ ПОЛІПШЕНИХ ЗА КОМПЛЕКСОМ
ГОСПОДАРСЬКО-ЦІННИХ ОЗНАК ГІБРИДІВ
ПРОСА ЗВИЧАЙНОГО ШЛЯХОМ ЗАСТОСУВАННЯ
ПРОГРЕСИВНИХ ТЕХНОЛОГІЙ АНАЛІЗУ НАЩАДКІВ F_1
НА ПЛАТФОРМІ ВИКОРИСТАННЯ ІННОВАЦІЙНИХ
МЕТОДІВ ТОЧНОГО ФЕНОТИПУВАННЯ**

Науково-методичні рекомендації

Київ 2025

УДК 633.17

<https://doi.org/10.47414/978-617-8706-28-9>

Рекомендовано до опублікування вченою радою
Інституту біоенергетичних культур і цукрових буряків НААН
(протокол № 17 від 3 листопада 2025 р.)

Рецензенти:

М. Я. Гументик, доктор с.-г. наук, старший науковий співробітник;
В. І. Войтовська, кандидат с.-г. наук, старший науковий співробітник
(Інститут біоенергетичних культур і цукрових буряків НААН)

Чернуський В. В., Мандровська С. М., Гореленко В. І., Мошенко М. М., Філатова Н. Ф., Мостьовна Н. А., Левченко Л. П. Створення синергетично-компонентних сортів-синтетиків проса звичайного з підвищеним рівнем продуктивності і адаптивності. Інноваційна методологія створення поліпшених за комплексом господарсько-цінних ознак гібридів проса звичайного шляхом застосування прогресивних технологій аналізу нащадків F₁ на платформі використання інноваційних методів точного фенотипування : науково-методичні рекомендації / НААН України, Ін-т біоенергет. культ. і цукр. буряків. Електрон. вид. Київ : ІБКіЦБ НААН, 2025. 30 с.

ISBN 978-617-8706-28-9 (PDF)

Висвітлено сучасні підходи до селекції проса звичайного (*Panicum miliaceum* L.) на основі інтеграції класичних селекційних методів із цифровими технологіями, математичним моделюванням, точним фенотипуванням, епігенетичними дослідженнями та елементами штучного інтелекту. Розглянуто методики створення гібридних комбінацій і лінійних популяцій, застосування цифрових двійників, моделей прогнозування продуктивності, аналізу взаємодії генотипу із середовищем та оцінювання адаптивного потенціалу селекційного матеріалу. Описано підходи до використання морфогенетичних алгоритмів, нейромережкових моделей і систем підтримки селекційних рішень для прискорення добору перспективних генотипів. Значну увагу приділено ролі епігенетичних механізмів у формуванні адаптивності та стабільності морфотипів в умовах кліматичних змін. Наведено практичні рекомендації щодо впровадження цифрових технологій у селекційний процес, створення інформаційних баз даних і використання сучасних інструментів аналізу для підвищення ефективності селекції проса.

Видання призначене для науковців, селекціонерів, аспірантів, викладачів і фахівців аграрної галузі.

УДК 633.17

<https://doi.org/10.47414/978-617-8706-28-9>



Цей твір поширюється на умовах ліцензії CC BY-NC-SA 4.0

(Creative Commons «Attribution-NonCommercial-ShareAlike» 4.0 International)

ISBN 978-617-8706-28-9 (PDF)

© Інститут біоенергетичних культур і цукрових буряків НААН, 2025
© Колектив авторів, 2025

ЗМІСТ

Вступ	4
1. Методика створення гібридних комбінацій і лінійних популяцій проса	6
2. Математичні моделі добору і прогнозування врожайності проса у багатовимірних системах	8
3. Система фенотипування і цифрових двійників у доборі проса	10
4. Епігенетичні маркери та динамічна стабільність морфотипів проса	12
5. Морфогенетичні алгоритми та моделі еволюційного добору в селекційних популяціях проса	13
6. Система цифрових двійників у смарт-селекції проса	15
7. Селекційна пам'ять і темпоральні потоки розвитку у цифрових популяціях проса	17
8. Точне фенотипування та цифровий аналіз популяцій зразків	22
9. Практика формування фототеки цифрових фотографій проса	28
Висновки	30
Список літератури	30

Вступ

У 2025 році розвиток інноваційних напрямів у світовій селекційній науці продовжив зосереджуватись на інтеграції молекулярно-генетичних, епігенетичних і цифрових технологій з методами штучного інтелекту. Наукові результати, відзначені міжнародними преміями 2024 року, засвідчили зміну парадигми: від класичного добору за фенотипом до комплексного прогнозування селекційного потенціалу через цифрове моделювання топології ознак у багатовимірному просторі генетичних і середовищних факторів.

У умовах зміни клімату, зростання температурних екстремумів і нестабільності опадів, селекція культур із коротким вегетаційним періодом зокрема проса звичайного (*Panicum miliaceum* L.) – набуває особливого значення. Просо є однією з найдавніших зернових культур, проте потенціал його генетичної пластичності у контексті адаптивності до стресів тривалий час залишався недостатньо використаним. Підвищення продуктивності без порушення рівноваги адаптивних ознак є центральним завданням у селекції проса.

Наукова проблема, що визначає актуальність рекомендацій, полягає у тому, що традиційні методи оцінки гібридного матеріалу не забезпечують достатньої точності для виявлення трансгресивних фенотипів нащадків, які перевищують обидві батьківські форми за ключовими показниками врожайності, біометрії волотей, маси зерна та стійкості до стресів. У більшості випадків такі форми залишаються нерозпізнаними через накладання ефектів полімерії, епігенетичних зсувів і взаємодії генотипу з середовищем (G × E).

Сучасна селекція проса ґрунтується на поєднанні традиційних генетичних принципів із цифровим моделюванням ознак та багаторівневим аналізом фенотипових структур. Вихідна база даних формується на основі точного фенотипування рослин у різних фазах онтогенезу, зокрема від сходів до повного дозрівання волоті, з урахуванням фрактальної архітектоніки пагонів і кореневої системи. Кожен зразок описується за системою координат у гіперпросторі ознак, де кожна морфологічна і фізіолого-біохімічна характеристика має ваговий коефіцієнт, визначений на основі дисперсійного аналізу між генотипами та повторюваності у роках. Основна мета – виокремлення стабільних комбінацій ознак, які проявляються незалежно від року й умов вирощування.

Початковий добір здійснюється за морфотипом волоті: компактна, напівкомпактна або розлога, що корелює з типом фотосинтетичної архітектури. Визначається індекс компактності волоті як відношення довжини до ширини центрального стрижня:

$$I_c = L/W,$$

де: L – довжина волоті, W – середня ширина у середній третині.

Оптимальний індекс для ліній інтенсивного типу становить 1,7–2,3, для адаптивних – 1,2–1,6.

Далі аналізується фрактальність розгалуження гілочок другого порядку, для чого використовується формула:

$$F = \log(N)/\log(r),$$

де: N – кількість гілочок, r – середній коефіцієнт скорочення довжини між рівнями.

Фрактальний індекс дозволяє кількісно оцінити стабільність структури волоті як результат узгодженості морфогенетичних програм.

Відбір за зерновими ознаками ґрунтується на поєднанні маси 1000 зерен, коефіцієнта вирівняності та коефіцієнта склоподібності ендосперму. Використовується індекс комплексної якості зерна:

$$Iq = (M \times G \times U)/1000,$$

де: M – маса 1000 зерен, G – показник склоподібності, U – відсоток вирівняності.

Паралельно аналізується забарвлення зерна як маркер антиоксидантного потенціалу й специфічних метаболічних шляхів, пов'язаних із флавоноїдним комплексом.

На етапі польових випробувань формується матриця реакцій генотипів на стресові фактори (температурні коливання, дефіцит вологи, фотоперіод), яка виражається у вигляді багатовимірної функції:

$$R = f(G \times E \times T),$$

де: G – генотип, E – середовище, T – технологічний фон.

Кожен елемент матриці оцінюється за інтегральним показником стабільності (Sf), що визначається як відхилення від середнього у серії років.

Для підвищення точності відбору використовується цифрова кластеризація K-means, де кожен генотип розглядається як точка у багатовимірному просторі морфологічних параметрів. Кількість кластерів визначається методом «лікоть», після чого обираються репрезентативні генотипи з центроїдної зони. Подальший добір базується на комбінаційній здатності: перехресне схрещування ліній з високою фертильністю пилку та відмінностями за метамерною будовою. Оцінка гібридів здійснюється через аналіз марковських ланцюгів успадкування ознак, де ймовірність переходу від вихідного до селекційно цінного стану визначається за формулою: $P_{ij} = n_{ij} / \sum n_{i1}$, що відображає стабільність прояву певної комбінації ознак у поколіннях.

На заключних етапах відбір здійснюється за продуктивністю колоса та індексом біомаси ($Ib = B / P$), де: B – загальна маса рослини, P – маса зерна. Оптимальні лінії характеризуються Ib у межах 1,4–1,8, що забезпечує збалансований розподіл асимілятів. Для моделювання продуктивності використовується штучна нейромережа типу feed-forward із вхідними змін-

ними морфометричних і фізіологічних показників. Результатом є цифровий двійник кожного генотипу, який зберігає ознаки у параметричній формі й дозволяє прогнозувати поведінку у змінених кліматичних умовах.

Таким чином, методика селекції проса є інтегральною системою, де поєднуються класичні принципи генетики, елементи біоінформатики, математичного моделювання та штучного інтелекту. Основна парадигма полягає у переході від описового добору до предиктивної селекції, коли рішення приймаються на основі комплексних цифрових моделей, що відображають внутрішню динаміку ознак і потенціал генотипу в реальних агросистемах.

1. Методика створення гібридних комбінацій і лінійних популяцій проса

Формування гібридних комбінацій проса ґрунтується на принципі функціональної комплементарності вихідних форм, де кожна пара батьківських ліній повинна мати розбіжності не лише за фенотипом, а й за типом регуляції ростових процесів. Вихідним матеріалом слугують лінії різного походження, у яких на попередніх етапах добору виявлено стабільну морфогенетичну структуру, що зберігає параметри волоті, листкового апарату та індексу пластидності протягом кількох поколінь. Для парування відбирають лінії, що різняться за типом архітекtonіки: одна – інтенсивна, з вертикальним розміщенням листків і підвищеною густотою пагонів, інша – адаптивна, з горизонтальним кутом листових пластинок і помірним ростом стебла. Таке поєднання забезпечує синергію за фотосинтетичною продуктивністю й рівномірність наливу зерна.

Схрещування проводиться у контрольованих умовах із використанням стерильних форм або механічної кастрації. Під час гібридизації особливу увагу приділяють фазі бутонізації, коли пилкові мішки легко видаляються без пошкодження приймочки. Після запилення батьківську рослину ізолюють пергаментними мішечками, маркують і фіксують усі параметри погодних умов. Формула комбінацій записується як $F_1 = L_i \times L_j$, де: i і j – індекси батьківських ліній, що зберігаються в базі даних цифрових двійників. Для кожної комбінації розраховується теоретичний індекс гібридної сили за формулою:

$$H = (F_1 - MP) / MP \times 100,$$

де: F_1 – значення ознаки у гібридів першого покоління, MP – середнє батьківське. Позитивні значення вище 10 % свідчать про реальну гетерозисну реакцію.

На етапі F_2 і F_3 проводиться розщеплення за ключовими фенотиповими ознаками – форма і щільність волоті, тривалість вегетації, маса зерна з рослини. Застосовується система *вибіркового фіксування морфотипів*,

коли добір ведуть не за абсолютними показниками, а за стабільністю співвідношень між ними. Кожна рослина оцінюється за індексом структурної узгодженості:

$$I_s = \sum(w_k \times x_k),$$

де: w_k – ваговий коефіцієнт ознаки, x_k – відносна оцінка за п'ятибальною шкалою. Високі значення I_s ($>0,75$) свідчать про системну стабільність морфогенезу.

Лінії, виділені внаслідок рекомбінативного розщеплення, піддаються циклічній селекції за схемою часткового самозапилення та контролю фенотипової однорідності. Кожне покоління проходить тест на повторюваність за роками за методом дисперсійного аналізу. Для скорочення циклу добору впроваджується прискорене вирощування у камерах із регульованим фотоперіодом, що дозволяє отримати два покоління за рік. У цифровому середовищі для кожної лінії створюється електронна матриця з динамікою ознак у часі – так звана *селективна траєкторія*, де осі простору відповідають головним компонентам варіації (PC_1, PC_2, PC_3). Переміщення лінії у цьому просторі вважається маркером її генетичної стабілізації.

Після фіксації стабільних морфотипів проводиться синтетичне схрещування кращих ліній за схемою діалельного аналізу, що дає змогу оцінити загальну і специфічну комбінаційну здатність. Для кожної комбінації розраховується матриця $GCA \times SCA$, а дані вводяться у модель множинної регресії для прогнозу потенціалу потомства. За допомогою нейронного алгоритму формуються віртуальні гібриди, де зміна вагових коефіцієнтів ознак дозволяє змодельовати потенційний приріст урожайності або адаптивності.

Остаточне формування лінійних популяцій здійснюється шляхом групування ліній з близькою морфогенетичною структурою, але різною реакцією на середовище. Такий принцип забезпечує створення *внутрішньопопуляційного буфера* стабільності. Кожна популяція описується через параметри ентропії варіаційного простору, що відображає ступінь генетичної різномірності. Для проса оптимальний рівень ентропії становить 0,45–0,60, що забезпечує поєднання пластичності й стабільності.

Завершальний етап передбачає багаторічне сортовипробування ліній та гібридів у різних агрокліматичних зонах із фіксацією біометричних, технологічних та біохімічних параметрів. Дані вносяться у селекційну базу як *цифровий генотиповий ландшафт*, де кожна точка відповідає інтегральній характеристиці лінії. Подальше ранжування проводиться за показником адаптивно-продуктивного потенціалу (*App*), що відображає узгодження морфологічної, фізіологічної та біохімічної компонент. Найкращі зразки переходять до етапу формування селекційного ядра для майбутніх програм розширеного добору та створення генетичних банків цифрових двійників.

2. Математичні моделі добору і прогнозування врожайності проса у багатовимірних системах

Прогнозування врожайності проса на основі багатовимірного аналізу є центральною ланкою сучасної смарт-селекції, оскільки воно дозволяє перейти від емпіричного оцінювання до математично керованого передбачення результатів добору. Модель ґрунтується на узагальненні багаторічних спостережень за фенотиповими, агрометеорологічними та фізіолого-біохімічними параметрами, що перетворюються у структуру взаємопов'язаних функцій. Базовим принципом є уявлення генотипу як системи, що функціонує в середовищі з багатьма змінними, де реакція на фактори виражається не лінійно, а через узгоджену суперпозицію ознак.

Математичний каркас побудовано на багатофакторній регресії з включенням латентних змінних, які відображають невидимі впливи середовища. Основна модель має вигляд:

$$Y = \beta_0 + \sum(\beta_i x_i) + \sum(\beta_{ij} x_i x_j) + \varepsilon,$$

де: Y – прогнозована врожайність, x_i – стандартизовані показники морфофізіологічних ознак (індекс компактності волоті, коефіцієнт кушення, маса 1000 зерен, індекс фотосинтетичної ефективності тощо), β – регресійні коефіцієнти, ε – залишковий компонент. Перехресні добутки $x_i x_j$ відображають інтерактивний ефект ознак, що важливий для фіксації комбінативних успадкувань. На практиці модель коригується методом зворотного поширення помилки, що дозволяє наблизити математичний прогноз до реальних даних багаторічних випробувань.

З метою уникнення надмірної кореляції між предикторами проводиться редукція простору ознак методом головних компонент. Кожна головна компонента (PC_1, PC_2, PC_3, \dots) інтерпретується як інтегральна група взаємопов'язаних факторів – наприклад, PC_1 відображає морфометричні риси, PC_2 – фізіологічну активність, PC_3 – адаптивність до стресу. Таким чином, багатовимірна модель зводиться до кількох ортогональних осей, що полегшує візуалізацію й подальше прогнозування.

Для уточнення нелінійних зв'язків застосовується неймережева архітектура типу *multilayer perceptron* із трьома шарами: вхідним, прихованим і вихідним. Кожен нейрон прихованого шару формує функцію активації:

$$a = f(Wx + b),$$

де: W – матриця вагових коефіцієнтів, x – вектор вхідних даних, b – зміщення, f – сигмоїдна або ReLU-функція. На виході формується прогноз врожайності у вигляді неперервної величини, що адаптивно уточнюється після кожного циклу навчання. Мережа здатна враховувати складні взаємозв'язки між морфогенетичними і кліматичними параметрами, включно з лаговими ефектами попереднього сезону.

Для багаторічного прогнозу застосовується рекурентна модель типу LSTM (Long Short-Term Memory), яка враховує часові ряди – температурні амплітуди, динаміку опадів, індекси вегетації (NDVI) з дистанційного зондування. Вихідні дані стандартизуються у діапазоні 0–1, а кожен часовий крок описує окремий період розвитку культури. Прогноз здійснюється через багат шаровий блок пам'яті, що забезпечує виявлення трендів і аномалій. Такі моделі здатні передбачати не лише урожайність, а й ймовірність зниження стабільності продуктивності під впливом кліматичних стресів.

Високу інформативність забезпечує впровадження концепції *морфологічного графу*, де вузли відповідають ознакам, а ребра – їхнім кореляційним зв'язкам. Вага ребра (w_{ij}) дорівнює коефіцієнту кореляції r_{ij} . Аналіз топології графу (ступінь вузлів, коефіцієнт кластеризації, центральність за Бетвейном) дозволяє виявити ключові ознаки, що найбільше впливають на результат. Виявлені центральні параметри (частіше це індекс фотосинтетичної ефективності, маса зерна з рослини та вміст білка) стають базою для побудови цільових траєкторій добору.

У системі прогнозу також використовується стохастичний підхід – моделювання поведінки популяцій у вигляді випадкових процесів. Розподіл імовірності успадкування ознаки виражається через функцію:

$$P(x) = (1/\sigma\sqrt{2\pi}) e^{-\{(x - \mu)^2 / 2\sigma^2\}},$$

де: μ – середнє значення, σ – стандартне відхилення. На основі цієї функції будуються карти імовірнісної стабільності для кожної лінії. Під час інтеграції з емпіричними даними модель створює предиктивну карту ризиків – своєрідний селекційний навігатор, що визначає, у яких умовах лінія з найбільшою вірогідністю реалізує свій потенціал.

Фінальний блок моделювання реалізується у вигляді *гіперпростору селекційних рішень*, де кожна точка відображає поєднання генотипу, середовища і технологічного фактора. В цьому полі формується оптимізаційна поверхня, а її максимум визначає конфігурацію факторів для досягнення максимальної врожайності. Градієнтний аналіз поверхні дозволяє знайти локальні й глобальні оптимуми. Вихідна функція оптимізації набуває вигляду:

$$\text{Maximize } Y = f(G, E, T),$$

де: критерій максимізації – не лише абсолютна врожайність, а й індекс стабільності у роках (S_i).

Таким чином, математичне моделювання в селекції проса є не лише інструментом опису, а й засобом передбачення. Його цінність полягає у можливості створювати інтерактивні цифрові системи добору, де кожен генотип оцінюється у контексті багатовимірного середовища. Це переводить селекцію з площини експериментального пошуку у сферу керованого моделювання, де наукове передбачення стає основою генетичного конструювання майбутніх сортів.

3. Система фенотипування і цифрових двійників у доборі проса

Система фенотипування проса в сучасній селекційній парадигмі переходить від традиційного польового опису до повномасштабного цифрового моделювання морфофізіологічних параметрів. У цій системі кожна рослина розглядається як складна структурно-функціональна модель, що має просторову, часову та інформаційну організацію. Фенотипування виконує роль первинного рівня цифрового відображення реальності, на основі якого створюється цифровий двійник – формалізована модель рослини або генотипу у вигляді сукупності числових, візуальних та аналітичних характеристик.

Початковий етап передбачає багатоканальне збирання даних. Використовується комбінація польових сенсорів, високоточної фотограмметрії, гіперспектральної зйомки та комп'ютерного зору. Для кожного екземпляра формується вектор ознак, що включає геометричні (висота, площа листової поверхні, компактність волоті), текстурні (структура покриття, забарвлення), спектральні (відбивна здатність у видимому та ближньому ІЧ-діапазоні), фізіологічні (індекс фотосинтетичної активності, вологість тканин) і біохімічні (вміст білка, каротиноїдів, поліфенолів) параметри. Кожен параметр отримує цифровий код та інтегрується в єдину базу.

Під час обробки даних використовується метод нормалізації та стандартизації, який зводить усі параметри до спільної шкали, що дозволяє проводити порівняльний аналіз незалежно від типу сенсора або середовища зйомки. На цьому етапі формується *фенотипічна матриця* виду $M = [X_{ij}]$, де i – номер рослини, j – номер ознаки. Матриця є основою для подальших розрахунків кореляційних мереж і кластерного аналізу. Застосовується метод головних компонент для виявлення латентних факторів варіації, а також аналіз самоподібності для оцінки стабільності фенотипу в часовому вимірі.

Цифровий двійник створюється шляхом перетворення фенотипічної інформації у багатoshарову структуру, що імітує реальну рослину у цифровому середовищі. Він складається з трьох блоків: морфометричного, фізіологічного і предиктивного. Морфометричний блок описує просторову геометрію рослини у тривимірних координатах, дозволяючи оцінювати форму, симетрію та густоту структури волоті. Фізіологічний блок містить часові ряди динаміки фотосинтетичних параметрів, вологозабезпечення, температурної реакції. Предиктивний блок пов'язує морфологічні та фізіологічні параметри з потенційною продуктивністю, використовуючи нейромережеві алгоритми для виявлення прихованих закономірностей.

Ключовим елементом системи цифрових двійників є параметрична адаптація – здатність моделі змінювати свої значення у відповідь на введені зовнішні умови. Наприклад, зміна температурного режиму або рівня вологості у віртуальному середовищі дозволяє оцінити реакцію генотипу

ще до проведення реальних польових випробувань. Це дає змогу зменшити кількість фізичних експериментів і скоротити селекційний цикл. У системі зберігаються метадані про походження, схрещування, морфотип, ідентифікаційні коди польових дослідів, що забезпечує повну простежуваність селекційного процесу.

Фенотипічні дані постійно уточнюються шляхом інтеграції зі знімками з безпілотних літальних апаратів, що дозволяє виявляти просторову неоднорідність посівів і локальні зміни продуктивності. На основі цих зображень створюється *фенокарта*, на якій кольоровими шарами позначаються показники стану рослин. У поєднанні з гіперспектральним аналізом така карта формує високоточну модель просторової мінливості генотипу.

У контексті добору цифровий двійник виконує роль активного елемента прийняття рішень. Порівнюючи віртуальні моделі ліній і гібридів, дослідник може здійснювати попередній добір за прогнозованими реакціями. Система використовує показник цифрової подібності (C_s), що визначається як:

$$C_s = 1 - (\sum |x_i - y_i| / n),$$

де: x_i і y_i – нормалізовані значення ознак двох генотипів, n – кількість порівнюваних параметрів. Значення C_s понад 0,85 вказує на близьку структурно-функціональну спорідненість. Такий підхід дозволяє прогнозувати потенційні результати схрещувань ще до їхнього виконання, моделюючи ефект рекомбінації на рівні параметричних систем.

Цифрові двійники зберігаються у вигляді онтологічно структурованих об'єктів з багаторівневою ієрархією – від окремої рослини до селекційної популяції. Це дає змогу формувати цифрові банки генетичних ресурсів, у яких дані представлені не у вигляді статичних таблиць, а як динамічні інтерактивні моделі, що здатні розвиватися в часі. Такі банки стають основою для майбутньої автономної селекційної системи, у якій добір і прогноз будуть здійснюватися штучним інтелектом із мінімальним втручанням людини.

Таким чином, система фенотипування і цифрових двійників у селекції просяє не просто технологічним інструментом, а новою формою організації знання. Вона переводить селекційний процес у сферу кіберфізичної взаємодії, де генотип стає інформаційним об'єктом, а добір – керованою оптимізаційною задачею, розв'язання якої забезпечується через об'єднання біології, математики й штучного інтелекту.

4. Епігенетичні маркери та динамічна стабільність морфотипів проса

У сучасній системі селекції проса епігенетичні механізми розглядаються як ключовий чинник стабільності морфотипів і адаптаційної пластичності. Традиційні моделі добору, зосереджені виключно на генетичній спадковості, виявилися обмеженими у поясненні феномену збереження фенотипічної структури в умовах змінного середовища без явних змін у геномі. Епігенетика розширює цю рамку, вводячи поняття «пам'яті станів» – стійких, але потенційно оборотних модифікацій експресії генів, які визначають морфогенез, фізіологічну реактивність і метаболічний профіль рослини.

Основу епігенетичної системи проса становлять процеси метилування ДНК, модифікації гістонів та регуляція малими РНК. Ці процеси формують так званий *епігенетичний ландшафт* розвитку, де кожен морфотип – це стабільна аттракторна зона, у якій набір епігенетичних станів підтримує певну архітектуру рослини. При переході до нових умов середовища відбувається зміщення системи в інший аттрактор, що супроводжується зміною експресії ключових регуляторних генів, але без зміни їхньої послідовності. Таким чином, морфотип може адаптуватися, не втрачаючи своєї морфологічної ідентичності.

Для кількісного оцінювання епігенетичних змін використовується індекс метильованої варіабельності (Mvi):

$$Mvi = \sum |m_{it} - m_{i0}| / n,$$

де: m_{it} – рівень метилування конкретного локусу у досліджуваній фазі, m_{i0} – контрольний рівень у стабільному стані, n – кількість локусів. Значення Mvi нижче 0,15 свідчить про стабільний епігенетичний профіль, а перевищення 0,25 вказує на реактивну зміну, що може мати селекційну цінність. Епігенетичні зсуви часто спостерігаються у ділянках, пов'язаних із регуляцією фотоперіодичної чутливості, водного режиму та біосинтезу пігментів.

Особливу увагу приділено феномену *епігенетичної спадковості без генетичних змін*, коли індуковані зміни метилування передаються через кілька поколінь і стабілізуються у вигляді нової фенотипічної константи. Для проса це проявляється у збереженні скороченого вегетаційного періоду або підвищеної жаростійкості у ліній, вирощених після стресових сезонів. Такі зміни фіксуються у вигляді епігенетичних маркерів, які інтегруються в систему цифрових двійників і відображаються як параметри динамічного стану.

У структурі морфотипів епігенетична регуляція реалізує себе через зсуви у співвідношенні ростових зон, зміну кута листкових пластинок, довжини міжвузлів і співвідношення маси зерна до біомаси. Ці зміни є не випадковими, а структурно зумовленими. Формується *динамічна стабільність*,

при якій рослина зберігає основну архітектуру, водночас адаптуючись на рівні пропорцій органів. Для кількісного опису цього феномену використовується коефіцієнт стабільності морфогенезу (K_s):

$$K_s = 1 - (\sum |p_{it} - p_{i0}| / n),$$

де: p_{it} – пропорційні співвідношення органів у змінених умовах, p_{i0} – контрольні значення. Високі значення K_s ($> 0,85$) свідчать про епігенетичну узгодженість морфотипу.

У цифровій системі селекції такі параметри вводяться до бази як змінні стану, що здатні модифікувати поведінку моделі без зміни генотипу. Це дозволяє моделювати епігенетичні сценарії – наприклад, реакцію на посуху чи холодний стрес – і прогнозувати, які лінії зможуть адаптуватися найшвидше. Епігенетичні профілі також використовуються для побудови кластерів за стабільністю метиломного патерну, що утворює додатковий рівень класифікації, незалежний від геномної спорідненості.

Важливим аспектом є можливість штучної індукції епігенетичних змін. Для цього застосовують контрольовані температурні коливання, осмотичний стрес або регулятори росту, які викликають тимчасову деконденсацію хроматину й активацію латентних регуляторних генів. Такі процедури використовуються для створення нових варіантів морфотипів без традиційного мутагенезу. Згодом, після стабілізації змінених станів, ці лінії закріплюються самозапиленням і стають джерелом нової епігенетично модифікованої варіації.

Таким чином, епігенетичні маркери в селекції проса є не лише діагностичним інструментом, а й активним механізмом формування адаптивного потенціалу. Їхня роль полягає у забезпеченні динамічної стабільності морфотипів – здатності одночасно зберігати і змінюватися, залишаючись у межах власної морфогенетичної програми. Ця властивість стає новою парадигмою сучасної селекції, де головним завданням є не лише добір генотипів, а керування станами – у біологічному, інформаційному й епігенетичному сенсах.

5. Морфогенетичні алгоритми та моделі еволюційного добору в селекційних популяціях проса

Морфогенетичні алгоритми в сучасній селекції проса – це спроба перенести закономірності біологічного розвитку у структуру штучного інтелекту добору. Вони відображають природну динаміку становлення форми через взаємодію генетичних, епігенетичних і середовищних факторів, але у вигляді математично описуваних процесів. На відміну від класичного підходу, де відбір ґрунтується на статичних показниках фенотипу, морфогенетичні алгоритми працюють із траєкторією розвитку – послідовністю станів, що ведуть до формування ознаки.

Основою таких моделей є концепція *морфогенетичного простору* – багатовимірного поля, у якому кожен індивід популяції займає точку, визначену параметрами росту, архітектури, ритму онтогенезу, реакцією на середовище й енергетичним балансом. У цьому просторі добір не є просто вибором «кращих» особин, а спрямованим рухом популяції до зони оптимальної морфологічної гармонії, де поєднуються продуктивність, стійкість і енергетична ефективність.

Еволюційні моделі добору описуються як динамічні системи з параметрами, що змінюються в часі. Для проса найбільш адекватною виявилась формула еволюційного оновлення морфотипів:

$$X_{t+1} = X_t + \alpha(\nabla F(X_t)) + \beta R_t$$

де: X_t – вектор морфологічних параметрів у момент t , $\nabla F(X_t)$ – градієнт функції селекційної придатності, α – коефіцієнт швидкості адаптації, βR_t – стохастичний компонент, який моделює варіабельність, обумовлену епігенетичними чи середовищними збуреннями. Такий підхід дозволяє не лише фіксувати стан популяції, а й прогнозувати напрямок її руху у морфогенетичному просторі.

Для практичного застосування морфогенетичні алгоритми будуються на основі цифрових двійників зразків. Кожен цифровий двійник включає набір параметрів: геометрію стебла, листовий індекс, структуру волоті, пропорційне співвідношення фракцій зерна, біохімічний профіль та фотосинтетичну ефективність. Система аналізує взаємозалежність між цими параметрами, ідентифікуючи так звані *морфогенетичні вузли* – ключові точки, зміна яких призводить до масштабної трансформації форми. Саме на ці вузли спрямовується селекційний тиск.

В еволюційних симуляціях використовується поняття *енергетичного ландшафту форми*, де кожен морфотип характеризується певною енергетичною вартістю підтримки своєї структури. Мінімізація цієї вартості відповідає стабілізації типу. Для проса, як рослини, що походить з умов високої термічної динаміки, оптимальні морфотипи розташовані не в мінімумі енергії, а в зоні локальної метастабільності – там, де можливі швидкі структурні реакції без втрати цілісності. Це пояснює здатність культури швидко пристосовуватись до контрастних умов.

Морфогенетичні алгоритми добору дозволяють будувати *еволюційні траєкторії*, що показують, як із початкового матеріалу формується нова лінія. Кожна траєкторія описується рівняннями:

$$dX/dt = S(X, E) + \Phi(X),$$

де: $S(X, E)$ – реакція морфогенезу на середовище, $\Phi(X)$ – внутрішня програма морфогенетичної спадковості. У цифровому середовищі такі траєкторії об'єднуються у граф морфогенетичного розвитку популяції, де вузли відповідають стабільним формам, а ребра – перехідним станам. Таким

чином, добір у системі перетворюється на керовану навігацію цим графом – вибір найбільш перспективних шляхів еволюції.

У практичній селекції такі алгоритми використовуються для симуляції гібридизації та передбачення результатів комбінацій. Кожна потенційна комбінація оцінюється не лише за генетичною сумісністю, а й за морфогенетичною комплементарністю – тобто, наскільки злиття двох морфогенетичних програм може дати нову, стабільну структуру. Для цього вводиться функція комплементарності морфогенезу $C(A, B) = \sum |\varphi_i^A - \varphi_i^B|^{-1}$, де φ_i – параметри морфогенетичних вузлів. Високі значення C свідчать про потенціал до формування нових форм із внутрішньою гармонією.

Цифрова база даних морфогенетичних профілів проса постійно оновлюється в ході експериментів, і з часом перетворюється на самонавчальну систему. Кожна нова лінія, що вводиться в облік, уточнює структуру морфогенетичного простору, змінює форму функції $F(X)$ і сприяє більш точному прогнозуванню майбутніх селекційних напрямів. Тобто, селекція стає не просто накопиченням результатів, а процесом самоорганізації, що нагадує природну еволюцію, але у прискореному, керованому вигляді.

Морфогенетичний підхід створює передумови для формування інтелектуальної селекційної екосистеми, де еволюційні моделі, цифрові двійники, епігенетичні стани й дані польових спостережень зливаються у єдину когерентну систему. У цій системі добір перестає бути операцією вибору – він стає актом оптимізації, спрямованим на гармонізацію структури життя з динамікою середовища.

6. Система цифрових двійників у смарт-селекції проса

Цифровий двійник у сучасній парадигмі смарт-селекції є не просто візуальною або аналітичною копією рослини, а структурно-функціональною моделлю, здатною відтворювати її поведінку у змінних середовищних і технологічних контекстах. У випадку проса, культура з високою морфологічною пластичністю та значною адаптивною варіабельністю, цифровий двійник стає центральною одиницею керування селекційним процесом. Він об'єднує морфологічні, фізіологічні, генетичні, епігенетичні й екологічні дані в інтегровану систему, яка дозволяє моделювати розвиток, прогнозувати реакції та оптимізувати добір у реальному часі.

Побудова цифрового двійника проса починається з процесу точного фенотипування. Кожна рослина оцифровується за допомогою фотографії, лазерного сканування або мультиспектральної зйомки. Отримані зображення трансформуються у тривимірну морфометричну модель, з якої виділяються ключові параметри – висота, кут нахилу листків, об'єм листової поверхні, густина вузлів, форма волоті, довжина остей, пропорції зерна. Ці параметри формують вектор морфологічного стану $M = (m_1, m_2, \dots, m_n)$, який стає основою цифрового профілю індивідуального двійника.

Далі відбувається інтеграція фізіологічних і біохімічних показників. У двійник вносяться дані про швидкість транспірації, коефіцієнт фотосинтетичної ефективності, вміст хлорофілу, білка, крохмалю, ліпідів, антиоксидантів. Ці змінні утворюють підмножину $P = (p_1, p_2, \dots, p_m)$, що описує метаболічну активність. В результаті формується комбінований простір станів $S = f(M, P, E)$, де E – вектор умов середовища.

Кожен цифровий двійник постійно оновлюється. Під час вегетації дані з сенсорів, дронів або наземних камер надходять у систему, і двійник проходить *динамічну реконфігурацію*. Це означає, що модель не є статичною копією, а живою симуляцією, яка рухається кривою морфогенезу в цифровому часі. Таким чином формується паралельний життєвий цикл, де цифрова рослина випереджає біологічну на певний інтервал, прогнозуючи її майбутній стан.

Однією з ключових властивостей цифрового двійника є функція передбачення адаптивності. На основі попередніх сезонів і бази даних поведінкових сценаріїв система розраховує коефіцієнт A , що визначає ймовірність стабільного розвитку форми в заданих умовах:

$$A = 1 - \exp(-\sum w_i |\partial M_i / \partial E|),$$

де: $\partial M_i / \partial E$ – чутливість морфологічного параметра до зміни середовища, w_i – вагові коефіцієнти значущості ознак. Високе значення A свідчить про гнучку, але стабільну систему морфогенезу, придатну для селекційної фіксації.

У смарт-селекційній архітектурі цифрові двійники об'єднуються у мережу популяційних симуляцій, де кожен вузол – це індивідуальний фенотип, а ребра – потенційні шляхи схрещування або генетичного переносу ознак. Система оцінює ці шляхи за багатовимірною функцією придатності $F(X)$, що включає продуктивність, стійкість до стресів, фотосинтетичну ефективність, енергетичну оптимальність і параметр стабільності епігенетичного профілю.

Алгоритми цифрової еволюції, що керують мережею двійників, діють за принципом *адаптивного комбінаційного добору*. Вони не просто імітують схрещування, а обчислюють синтетичні морфогенетичні комбінації, прогнозуючи, які поєднання генотипів і епігенетичних станів можуть дати нову гармонійну форму. Звідси виникає концепція *віртуального гібридного поля*, де всі експерименти проводяться спочатку у цифровому середовищі, а до польових випробувань допускаються лише ті варіанти, які пройшли віртуальну стабілізацію.

Інтерфейс системи цифрових двійників побудований за принципом рефлексивної аналітики: кожна зміна у даних викликає негайне оновлення прогнозу, що дозволяє селекціонеру бачити не статичну таблицю параметрів, а процес еволюції типу. На графічному рівні це виглядає як багатовимірна динамічна карта, де вузли рухаються у відповідь на зміни середовища або введення нових ліній.

Окрім аналітичної функції, цифрові двійники виконують і роль селекційної пам'яті. У них зберігається історія кожного покоління – від вихідного матеріалу до сучасних форм, включно з усіма проміжними станами. Це створює умови для рекурсивного аналізу, тобто можливості повернутися до будь-якого етапу й перевірити, які саме зміни призвели до підвищення або втрати ознаки. Таким чином система перетворює селекцію на процес зворотного проектування, де майбутні форми можуть бути реконструйовані з історичних патернів розвитку.

У поєднанні з епігенетичними даними цифровий двійник проса стає модельною одиницею адаптивного коду життя. Він дозволяє розуміти рослину не як об'єкт, а як інформаційну структуру, що постійно самооновлюється. Це відкриває шлях до нової форми селекційної діяльності – не просто створення сортів, а формування систем самонавчальної біології, де кожна рослина є учасником спільного інтелектуального поля.

7. Селекційна пам'ять і темпоральні потоки розвитку у цифрових популяціях проса

Поняття селекційної пам'яті у сучасній теорії смарт-селекції проса виходить далеко за межі генетичної спадковості. Це новий рівень біоінформаційної організації, де пам'ять визначається не послідовністю нуклеотидів, а послідовністю станів, що проходить система в процесі розвитку, добору, стресових реакцій і стабілізації морфогенезу. Така пам'ять має темпоральну природу: вона існує у вигляді динамічних потоків, що з'єднують минулі фази органогенезу з майбутніми, і визначає здатність рослини адаптуватися не реактивно, а прогнозно, через випереджальні зміни у власній структурі.

Темпоральний потік – це безперервна функція станів $X(t)$, у якій зафіксовано поступове перетворення морфотипу в часі. Для проса, яке демонструє високу динамічність між фазами вегетації, темпоральні потоки мають особливе значення: вони відображають взаємозв'язок між швидкістю росту стебла, закладанням волоті, диференціацією листових вузлів і зміною енергетичного балансу. У цифрових популяціях ці потоки відстежуються у вигляді *морфогенетичних траєкторій часу*, що утворюють графи розвитку, у яких вершини – це стабільні морфологічні фази, а ребра – переходи між ними.

Селекційна пам'ять формується через накопичення даних про ці траєкторії. Кожен цифровий двійник проса зберігає не лише свій кінцевий стан, а всю історію переходів – параметрів росту, вологозабезпечення, температурних реакцій, співвідношень фотосинтетичної поверхні до біомаси. Ці послідовності формують *інформаційні лінії пам'яті*, або «потоки спадковості другого порядку», які не передають гени, а передають досвід реакції системи. У подальших поколіннях ці лінії накладаються одна на одну,

утворюючи багат шарову структуру еволюційного часу, що забезпечує засадинам адаптивну передбачуваність.

Математично темпоральний потік описується рівнянням:

$$dX/dt = F(X, \partial X/\partial t, E(t)),$$

де: t – внутрішній біологічний час морфогенезу, $E(t)$ – часовий вектор середовищних впливів.

Така модель дозволяє розрізняти реальний час середовища та фенотипічний час розвитку. Для проса характерне явище фазового розщеплення часу, коли різні частини організму рухаються різними темпами у своєму темпоральному вимірі, створюючи неоднорідність морфогенетичного поля. Саме ця неоднорідність забезпечує гнучкість системи, бо дозволяє окремим органам перебудовуватись без руйнування загальної архітекτονіки.

У цифровій системі смарт-селекції темпоральні потоки представлені у вигляді *хронокарт розвитку*. Це багатовимірні моделі, де кожен параметр має власну часову вісь, а система в цілому описується як ансамбль пов'язаних осциляторів. Взаємодія між ними визначає стабільність або хаотичність розвитку. При цьому зберігається ключовий принцип: стійкий морфотип – це не статична форма, а форма з гармонізованими темпоральними частотами.

Селекційна пам'ять у цьому контексті – це сукупність відфільтрованих темпоральних патернів, які виявили себе як ефективні в історії еволюції популяції. Система запам'ятовує не конкретні значення параметрів, а ритми й послідовності змін, тобто структурні закономірності часу. Саме вони потім визначають, як нові гібриди реагуватимуть на зміну температури, освітлення або водного режиму. Завдяки цьому добір може бути здійснений не після завершення вегетації, а на ранніх етапах – за прогнозом темпорального профілю розвитку.

Для кількісного оцінювання селекційної пам'яті використовується коефіцієнт темпоральної узгодженості (Kt):

$$Kt = 1 - (\sum |\Delta X_i(t+\Delta t) - \Delta X_i(t)| / n),$$

де: $\Delta X_i(t)$ – зміна параметра у даному часовому інтервалі. Високі значення Kt ($>0,9$) свідчать про стабільну ритмічність розвитку, що асоціюється з високим потенціалом для селекційного фіксування.

У смарт-селекційних системах пам'ять темпоральних потоків виконує ще одну функцію – адаптивного прогнозування. Коли нова лінія вводиться у середовище з нестандартними параметрами, система порівнює її поточний темпоральний профіль із архівом історичних патернів і визначає, які зміни у структурі ймовірні у наступні фази. Це дає змогу не лише передбачати результат, а й активно керувати розвитком, коригуючи режими поливу, освітлення або мінерального живлення для гармонізації темпів морфогенезу.

З часом у базі даних накопичується мережа темпоральних резонансів, що об'єднує усі цифрові двійники за подібністю ритмів розвитку. Ця мережа виконує роль колективної селекційної пам'яті популяції. У ній зберігаються не лише типові траєкторії, а й виняткові – ті, що призвели до формування нових морфотипів. Саме з аналізу таких «аномальних» потоків виникають інноваційні напрями добору, коли система виявляє, що порушення звичної темпоральної логіки може стати джерелом еволюційної переваги.

Таким чином, селекційна пам'ять у цифрових популяціях проса – це форма живої хронології, де час стає носієм спадковості. Темпоральні потоки виступають не як фон розвитку, а як активна структура, що формує майбутнє морфотипу. Селекція набуває рис хронодинамічної науки, у якій відбір відбувається у просторі часу, а не лише у просторі форм. І саме завдяки цій властивості смарт-селекційна система здатна відтворювати принцип еволюції – не через накопичення випадкових змін, а через гармонізацію темпів, ритмів і напрямів життя.

Методика селекції проса в нашій концепції ґрунтується на поєднанні класичних селекційних принципів із новітніми цифровими і когнітивними підходами до аналізу мінливості, структурності, епігенетичних ефектів і реакційних норм у складних середовищах. Вона передбачає відхід від традиційної рубрикації етапів добору на користь безперервного потоку інформаційно-фенотипового аналізу, який інтегрує дані морфології, фізіології, фенології, продуктивності й цифрових параметрів геометрії органів рослини. Основною одиницею оцінки є не ознака як така, а її прояв у множині середовищ, виражений через фенотиповий коридор стабільності, у якому визначаються зони адаптивної резонансності.

Процес селекції починається з формування цифрового образу популяції. Для цього використовуються зразки з різних еколого-географічних груп, у яких проводиться точне фенотипування – оцифрування структури волоті, листової поверхні, зернівки, архітектоники пагонів. Створюється багатопараметрична матриця, де кожен зразок описується набором координат, що включає морфометричні, кольорові, текстурні, геометричні та контурні показники. Цифрова база формується не лише для статистичного аналізу, а для навчання нейромережних систем, здатних ідентифікувати латентні патерни добору. Важливо, що дані структуризуються у вигляді графів, де вузлами є окремі морфотипи, а ребрами – відстані подібності між ними. Це створює підґрунтя для відбору комбінаційних пар з урахуванням топологічних характеристик – ступеня зв'язності, центральності, кластерної щільності.

Відбір здійснюється не лише за прямими фенотиповими перевагами, а й за динамічними характеристиками реакції на зміну факторів. Вводиться поняття темпоральної селекційної пам'яті – здатності генотипу відтворювати стабільну структуру ознаки в різні роки за змінної гідротермічної

амплітуди. Цей параметр визначається через кореляційні матриці між сезонними спостереженнями та відтворюваністю геометричних інваріантів. Зразки з високою темпоральною пам'яттю становлять ядро майбутніх гібридних комбінацій, оскільки забезпечують передбачуваність результатів схрещування.

Формула добору обмежується за принципом адаптивного компромісу:

$$F = (\Sigma(A_i \cdot S_i \cdot R_i)) / n,$$

де: A_i – адаптивність у конкретному середовищі, S_i – структурна стабільність морфотипу, R_i – репродуктивна ефективність, n – кількість середовищ спостереження.

Це не універсальна формула в математичному сенсі, а скоріше операційна модель, що дозволяє інтегрувати різні рівні оцінювання у спільну шкалу.

Заключним етапом є побудова гіперматриці добору, у якій відображаються всі потенційні варіанти схрещувань із прогнозованими фенотипічними наслідками. Для кожної пари обчислюється коефіцієнт морфологічної комплементарності, що визначає, наскільки потенційне потомство зможе зайняти проміжну або надкомпенсаторну позицію у просторі ознак. Добір ведеться не за середніми значеннями, а за відхиленням від очікуваної лінійної комбінативності – саме це дозволяє виявляти гібриди з потенціалом нової архітектоники волоті, скороченим періодом вегетації або підвищеною конверсією фотосинтетичного потоку у біомасу.

У відповідь на цю проблему в IBKіCB НААН створено інтегровану систему цифрової смарт-селекції, що поєднує аналітику точного фенотипування, машинне навчання, нейромережеву кластеризацію та математичне моделювання успадкованості ознак. Ця система дозволяє не лише виявляти трансгресивні комбінації в межах поколінь, а й прогнозувати напрямки їхньої стабілізації в часі через аналіз траєкторій параметричних поверхонь ознак.

Здійснено: порівняння ефективності різних схем схрещувань у системі «ауреум × субфлявум» та «ауреум × субкокцинеум»; визначення динаміки фенотипових параметрів у поколіннях F_1 – F_n за показниками щільності, кута розгалуження та довжини волоті; оцінку рівня трансгресії за модифікованою формулою, яка описує максимум серед нащадків і крайні значення батьківських форм; побудову фазово-параметричних карт для розпізнавання кластерів трансгресивних морфотипів.

Останнє десятиріччя характеризується глибокою трансформацією у розумінні природи спадковості. Сучасні дослідження вказують, що варіації фенотипу є результатом складної взаємодії генетичних, епігенетичних і середовищних факторів, де останні можуть мати спадковий ефект через епігенетичні механізми (метилування ДНК, модифікації гістонів, регуляцію мікро-РНК). Для проса це відкриває можливість формувати адаптивні генотипи не лише за рахунок мутацій чи рекомбінацій, а й через успадкування індукованих стресом епістанів.

Згідно з дослідженнями Springer & Schmitz (2017), стабільність епігенетичних маркерів у рослин дозволяє розглядати їх як паралельну спадкову систему, яка може бути залучена у селекційний процес [2]. У дослідженнях Lenaerts, Collard & Demont (2019) доведено, що прискорення селекції можливе через поєднання традиційних і цифрових методів добору, коли велика кількість гібридів проходить попередню оцінку за допомогою алгоритмів машинного зору [3].

У 2024 році в IBKіЦБ була створена система точного фенотипування, що дозволила верифікувати параметричні дані морфотипів у цифровій формі. Протягом 2025 року ця система була розширена до багаторічної інформаційної моделі, яка включає часові ряди динаміки ознак у поколіннях і поєднує їх з погодними даними, що дозволяє аналізувати $G \times E$ -взаємодії у реальному часі.

Відомо, що прояв трансгресії залежить від комбінації домінантних і адитивних ефектів генів, а також від кількості локусів, які контролюють ознаку. Проте навіть у випадках чисто адитивного контролю, сильна взаємодія генотипу з середовищем може маскувати трансгресивні ефекти. Тому застосування моделі АММІ (Additive Main effects and Multiplicative Interaction) стало ключовим у нашій роботі: воно дозволило кількісно оцінити ступінь стабільності трансгресивних ліній у різних екологічних умовах.

Водночас, використання нейромережевих систем класифікації (типу CNN і SOM) дало змогу розпізнавати приховані закономірності у фазово-параметричних просторах волотей. Цифрові образи кожного морфотипу, перетворені у самоафінні матриці, аналізувалися за допомогою фрактального розкладу, що дозволило ідентифікувати точки біфуркацій – потенційні осередки трансгресії.

Таким чином, аналіз стану питання показує, що сучасна селекція проса вступає у фазу системного переосмислення: від емпіричного добору до інтеграційного підходу, у якому поєднуються теорії полігенності, епігенетики та топологічного моделювання. Саме в цьому контексті розроблена нами методика пошуку трансгресійних форм стає основою для формування нової парадигми добору – селекції з прогнозованою успадковувачістю параметричних ознак.

Запропоновано аспекти селекції за допомогою маркерів та останні перспективи селекційних підходів в еру геноміки, біоінформатики, високотехнологічної фонеміки, редагування геному та нових технологій селекції рослин для покращення сільськогосподарських культур. Кліматично-розумне сільське господарство набуває все більшого значення для розроблення кліматично стійких сортів сільськогосподарських культур завдяки використанню стратегій селекції наступного покоління, які можуть протистояти багатовимірним стресам. І ці кліматично стійкі культури є вирішальним компонентом продовольчої та харчової безпеки [4].

В умовах зміни клімату жаростійка та посухостійка культура проса набуває значного господарського значення. Система водопровідних тканин кореня, стебла і листя у проса розвинена значно сильніше, ніж у інших хлібних злаків. Всі ці анатомічні та фізіологічні показники вказують на підвищену посухостійкість рослин [5, с. 93].

Значним резервом підвищення продуктивності посівів культури є ефективне їх ущільнення, тобто збільшення густоти стояння рослин на одиниці площі. В умовах зміни клімату важливою є також функція запобігання перегріву ґрунту. Відповідно до вищезначеного, в ІБКіЦБ та на ВПДСС розроблений та застосовується в селекційній програмі напрям добору – компресія волоті проса для формування щільних посівів. Компресія волоті проса означає зменшення кута відходження бічних гілок та скорочення їх довжини, що формує щільнішу архітектуру волоті. Це дозволяє краще пристосовуватися до високої густоти стояння та підвищувати врожайність на одиницю площі.

Рослини адаптують свій структурний розвиток до доступних ресурсів. Априорні знання про варіанти та стратегії структурної адаптації видів рослин до доступних ресурсів допомагають ефективному розвитку FSPM (системи адаптації рослин до умов навколишнього середовища). Рослини адаптуються не лише шляхом зміни кількості осей (кущів, гілок), але й шляхом адаптації властивостей окремих фітомерів. L-системи забезпечують принципово модульний підхід до моделювання. Це дозволяє описувати рослини та крони як сукупність взаємопов'язаних модулів, наприклад, фітомерів. Складні структури можна описати за допомогою обмеженого набору простих «продукцій» або правил перезапису, які застосовуються паралельно до лінійної одновимірної структури даних – рядка, що складається з простих символів, деякі з яких можна інтерпретувати графічно [6]:

$$L(n, l, a) \rightarrow L(n, l+g, a+c)$$

8. Точне фенотипування та цифровий аналіз популяцій зразків

Система фенотипування проса в сучасній селекційній парадигмі переходить від традиційного польового опису до повномасштабного цифрового моделювання морфологічних параметрів. У цій системі кожна рослина розглядається як складна структурно-функціональна модель, що має просторову, часову та інформаційну організацію. Фенотипування виконує роль первинного рівня цифрового відображення реальності, на основі якого створюється цифровий двійник – формалізована модель рослини або генотипу у вигляді сукупності числових, візуальних та аналітичних характеристик.

Фотографування волотей і рослин проводили в контрольованих світлових умовах з використанням високороздільних сенсорів. Зображення обробляли у середовищі Python (бібліотеки Open CV та Tensor Flow), де волоть виділялась через семантичну сегментацію моделлю Deep Lab V3.

З отриманих зображень будували самоафінні матриці параметричних станів, які далі піддавали фрактальному аналізу для визначення ступеня ущільненості волоті та морфологічної симетрії.

Кожен морфотип описували вектором, де описані параметри довжина волоті (см); щільність ($\text{г}/\text{см}^3$); кут розгалуження ($^\circ$); маса 1000 зерен (г).

Для кожного зразка будувались мультидименсійні траєкторії зміни параметрів у поколіннях F_1 – F_4 . Дискретні екстремуми на цих траєкторіях інтерпретували як ознаки трансгресії.

Початковий етап передбачає багатоканальне збирання даних. Використовується комбінація польових сенсорів, високоточної фотограмметрії, гіперспектральної зйомки та комп'ютерного зору. Для кожного екземпляра формується вектор ознак, що включає геометричні (висота, площа листової поверхні, компактність волоті), текстурні (структура покриття, забарвлення), спектральні (відбивна здатність у видимому та ближньому ІЧ-діапазоні), фізіологічні (індекс фотосинтетичної активності, вологість тканин) і біохімічні (вміст білка, каротиноїдів, поліфенолів) параметри. Кожен параметр отримує цифровий код та інтегрується в єдину базу.

Під час обробки даних використовується метод нормалізації та стандартизації, який зводить усі параметри до спільної шкали, що дозволяє проводити порівняльний аналіз незалежно від типу сенсора або середовища зйомки. На цьому етапі формується *фенотипічна матриця* виду $M = [x_{ij}]$, де i – номер рослини, j – номер ознаки. Матриця є основою для подальших розрахунків кореляційних мереж і кластерного аналізу. Застосовується метод головних компонент для виявлення латентних факторів варіації, а також аналіз самоподібності для оцінки стабільності фенотипу в часовому вимірі.

Цифровий двійник створюється шляхом перетворення фенотипічної інформації у багатoshарову структуру, що імітує реальну рослину у цифровому середовищі. Він складається з трьох блоків: морфометричного, фізіологічного і предиктивного. Морфометричний блок описує просторову геометрію рослини у тривимірних координатах, дозволяючи оцінювати форму, симетрію та густоту структури волоті. Фізіологічний блок містить часові ряди динаміки фотосинтетичних параметрів, вологозабезпечення, температурної реакції. Предиктивний блок пов'язує морфологічні та фізіологічні параметри з потенційною продуктивністю, використовуючи неймережеві алгоритми для виявлення прихованих закономірностей.

Ключовим елементом системи цифрових двійників є параметрична адаптація – здатність моделі змінювати свої значення у відповідь на введені зовнішні умови. Наприклад, зміна температурного режиму або рівня

вологості у віртуальному середовищі дозволяє оцінити реакцію генотипу ще до проведення реальних польових випробувань. Це дає змогу зменшити кількість фізичних експериментів і скоротити селекційний цикл. У системі зберігаються метадані про походження, схрещування, морфотип, ідентифікаційні коди польових дослідів, що забезпечує повну простежуваність селекційного процесу.

У контексті добору цифровий двійник виконує роль активного елемента прийняття рішень. Порівнюючи віртуальні моделі ліній і гібридів, дослідник може здійснювати попередній добір за прогнозованими реакціями. Система використовує показник цифрової подібності (C_s), що визначається як:

$$C_s = 1 - (\sum |x_f - y_e| / n),$$

де: x_f і y_e – нормалізовані значення ознак двох генотипів, n – кількість порівнюваних параметрів.

Значення C_s понад 0,85 вказує на близьку структурно-функціональну спорідненість. Такий підхід дозволяє прогнозувати потенційні результати схрещувань ще до їхнього виконання, моделюючи ефект рекомбінації на рівні параметричних систем.

Цифрові двійники зберігаються у вигляді онтологічно структурованих об'єктів з багаторівневою ієрархією – від окремої рослини до селекційної популяції. Це дає змогу формувати цифрові банки генетичних ресурсів, у яких дані представлені не у вигляді статичних таблиць, а як динамічні інтерактивні моделі, що здатні розвиватися в часі. Такі банки стають основою для майбутньої автономної селекційної системи, у якій добір і прогноз будуть здійснюватися штучним інтелектом із мінімальним втручанням людини.

Таким чином, система фенотипування і цифрових двійників у селекції проса є не просто технологічним інструментом, а новою формою організації знання. Вона переводить селекційний процес у сферу кіберфізичної взаємодії, де генотип стає інформаційним об'єктом, а добір – керованою оптимізаційною задачею, розв'язання якої забезпечується через об'єднання біології, математики й штучного інтелекту.

Визначення ступеня трансгресії

Трансгресія – явище, коли нащадки (гібриди або потомство) демонструють фенотипи, які виходять за межі інтервалу батьківських значень (нижче мінімуму або вище максимуму). Це важливе джерело нових варіантів у селекції.

Біологічні причини трансгресії: комплементарна дія алелей (різні батьки несуть сприятливі алелі в різних локусах); епістаз (нелінійні взаємодії між локусами); мінливість через рекомбінацію (комбінація заспокійливих і стимулюючих алелей); нові мутації (рідше для коротких періодів) та середовищні ефекти.

Статистичне визначення трансгресивних індивідів

Батьківські значення ознаки: P_{\min} та P_{\max} . Трансгресивні індивіди мають фенотип $<P_{\min}$ або $>P_{\max}$. Пропорція трансгресивних особин: $\left(\text{prop} = \frac{n_{\text{trans}}}{N} \right)$.

Оцінка щодо батьківської дисперсії: середнє і SD батьків (або середньо-батьківське очікування) і оцінити, які нащадки відхиляються більш ніж на $k\sigma$.

У реальних умовах GWAS використовують моделі змішаних ефектів (MLM), які дозволяють врахувати популяційну структуру та спорідненість між індивідами.

Формалізація моделі MLM. Загальна модель: $y = X\beta + Zu + e$, де: y – вектор фенотипів, X – матриця фіксованих ефектів (включаючи досліджувані SNP), β – вектор коефіцієнтів фіксованих ефектів, Z – матриця випадкових ефектів (зв'язок індивідів із спорідненістю), $u \sim N(0, K\sigma^2_g)$ – випадкові ефекти, де K – матриця спорідненості, $e \sim N(0, I\sigma^2_e)$ – випадкові залишки.

Оцінка спорідненості

Матриця спорідненості (kinshipmatrix, K) оцінюється з генотипів:

$$K = (1/m) * \sum_j (x_j - 2p_j)(x_j - 2p_j)^T / [2p_j(1 - p_j)]$$

де: x_j – вектор генотипів по SNP j , p_j – частота алеля.

Додавання структури популяції. Для контролю стратифікації популяції часто використовують головні компоненти (PCA): $y = \text{SNP} + \text{PC1} + \text{PC2} + \dots + \text{PCk} + Zu + e$

Таким чином, одночасно враховується як спорідненість (через u), так і великомасштабна структура (через PC). Виявлення трансгресивних фенотипів. Індивіди вважаються трансгресивними, якщо їх значення ознаки виходять за межі інтервалу між батьками:

$$\text{Transgressive_high: } y_i > \max(y_{\text{parent1}}, y_{\text{parent2}})$$

$$\text{Transgressive_low: } y_i < \min(y_{\text{parent1}}, y_{\text{parent2}})$$

Аналіз $G \times E$ -взаємодії та стабільності

Для визначення стабільності урожайності та морфометричних ознак використовували модель AMMI (Additive Main effects and Multiplicative Interaction), яка поєднує ANOVA та аналіз головних компонент.

Загальна модель:

$$Y_{\{ge\}} = \mu + G_g + E_e + \sum_{\{n=1\}_n^{\{N\}\lambda} \alpha_{\{gn\}Y_{\{en\}}} M + \rho_{\{ge\}},$$

де: $Y_{\{ge\}}$ – основні ефекти генотипу і середовища; μ – сингулярне значення; M – вектори генотипів та середовищ; $\rho_{\{ge\}}$ – залишок.

$$G_g + E_e \sum_{\{n=1\}_n^{\{N\}\lambda} \alpha_{\{gn\}Y_{\{en\}}}$$

Нейромережевий пошук кластерів трансгресії

Для виявлення прихованих трансгресивних кластерів застосовували самоорганізувальні карти Кохонена (SOM) та модель конволюційної мережі (CNN).

Навчання проводилось на матрицях параметрів з 2024 р. та використовувалось для класифікації зразків 2025 р. у реальному часі. Виявлення аномальних піків на топологічних поверхнях інтерпретували як сигнали потенційної трансгресії.

Нейромережа формувала п'ять кластерів морфотипів: стабільні батьківські лінії; гібриди з адитивним успадкуванням; форми з частковою гетерозиготністю; трансгресивні зразки; аномальні епігенетично змінені морфотипи.

Продуктивність волоті: гени, морфотипи, формули

Продуктивність волоті є ключовим елементом врожайності просоподібних культур. На неї впливають морфотипи волоті, генетичні фактори та коефіцієнти зав'язування квіток. У даному матеріалі представлено гени, морфотипи, математичні формули продуктивності.

Генетичний контроль волоті

- PANICLEARCHITECTURE (PA) – регуляція довжини головної осі та куту відгалужень
- Gn1a – контроль кількості квіток і зернівок (відомий у рису, аналогі у проса)
- DEP1 – визначає щільність волоті (dense and erect panicle)
- TB1 – регулює розгалуження (TEOSINTE BRANCHED1)
- APO1 / APO2 – контроль кількості колосків
- Dw (dwarfgenes) – карликовість, співвідношення вегетативної і генеративної маси

Морфотипи волоті

- Компактна (щільна) – короткі гілки, висока густина зернівок;
- Напівкомпактна – проміжний тип, універсальний;
- Розлога (відкрита) – довгі гілки, краще провітрювання, нижча густина зернівок.

Верифікація та статистична обробка

Дані обробляли методами дисперсійного та кореляційного аналізу в середовищах R і Statistica 12.0.

Достовірність різниць оцінювали за критерієм Фішера ($F \geq F_{0.5}$), коефіцієнти кореляції визначали за Пірсоном ($r > 0,75$ – високий зв'язок).

Статистичний аналіз проведено відповідно до Raj Kumar et al. Association and reliability analysis of multi-trait selection methods and selection of superior genotypes across the traits in Indian mustard (2025).

Дисперсійний аналіз (ANOVA) Дисперсійний аналіз для експериментального плану був заснований на моделі: $P_{ijk} = \mu + v_{ij} + b_k + e_{ijk}$ ($i, j = 1 \dots t$; $k = 1 \dots b$), де P_{ijk} – фенотип спостереження ijk , μ – середнє значення популяції, v_{ij} – ефект потомства, b_k – блок-ефект k .

Індекс селекції Сміта-Хейзела (індекс SH) Індекс Сміта-Хейзела оцінюється так: $b = \{P\}^{-1}Gw$, де: P і G – матриці фенотипної та генетичної коваріації відповідно, а w та b – вектори індексних коефіцієнтів та економічних ваг відповідно.

Генетична цінність I індивідуального генотипу на основі ознак x, y, \dots, n розраховується як: $I = \{b\}_{\{x\}} \{G\}_{\{x\}} + \{b\}_{\{y\}} \{G\}_{\{y\}} + \dots + \{b\}_{\{n\}} \{G\}_{\{n\}}$, де: b – індексний коефіцієнт для ознак x, y, \dots, n відповідно, а G – індивідуальні BLUP-генотипи для ознак x, y, \dots, n відповідно.

Факторно-аналітичне найкраще лінійне незміщене передбачення (FAI-BLUP). Багатофакторний індекс, заснований на факторному аналізі та ідеотиповому дизайні, запропонований Роча та ін. Формула розрахунку індексу FAI-BLUP виглядає так: $\{P\}_{\{ij\}} = \frac{1}{\sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^m \{d\}_{\{ij\}}}$, де: P_{ij} – ймовірність того, що генотип ($i = 1, 2, \dots, n$) подібний до ідеалотипу j ($j = 1, 2, \dots, m$); d_{ij} – відстань генотипу j , заснований на стандартизованій середній евклідовій відстані.

Індекс відбору за кількома ознаками (MTSI). Розраховує індекс багатоознакової стабільності. Багатоознаковий індекс селекції (MTSI) – це кількісний метод, який полегшує одночасний відбір кількох ознак шляхом присвоєння кожній ознаці відповідної ваги, що відображає їхню відносну економічну або селекційну значимість. загальний генетичний приріст з огляду на сукупну цінність всіх цільових ознак, а не покращуючи їх окремо. Загальна формула для індексу селекції (I) є лінійною комбінацією значень ознак: $SI = \{b\}_{\{1\}} \{X\}_{\{1\}} + \{b\}_{\{2\}} \{X\}_{\{2\}} + \dots + \{b\}_{\{n\}} \{X\}_{\{n\}}$, де: b_1 являє собою вагу, присвоєну ознакою X_1 .

Багатоознаковий індекс відстані генотип-ідеотип (MGIDI). Індекс MGIDI розраховується за такою формулою: $S\{MGIDI\}_i = \sqrt{\sum_{j=1}^f \{F_{ij} - F_j\}^2}$, де MGIDI i – багатоознаковий індекс відстані генотип-ідеотип для i -го генотипу; F_{ij} – це оцінка i -го генотипу в j -му факторі ($i = 1, 2, \dots, g$; $j = 1, 2, \dots, f$), де: g і f – кількість генотипів і факторів відповідно, а F_j – це оцінка j -го ідеалотипу.

Коефіцієнт рангової кореляції Спірмена. У нашому дослідженні з метою оцінки сили використовується коефіцієнт рангової кореляції Спірмена.

Напрямок асоціації між різними індексами селекції, такими як FAI-BLUP, MTSI, MGIDI та SHI. Цей непараметричний показник особливо підходить для порядкових даних або у випадках, коли припущення кореляції Пірсона не виконуються.

Оцінюючи рангові кореляції між цими індексами, ми можемо виявити надмірність і гарантувати, що кожен індекс робить унікальний внесок у

процес селекції. Це розуміння критично важливе для розробки комплексної стратегії селекції, яка ефективно балансує безліч ознак, тим самим підвищуючи ефективність селекційних програм.

Формули, що використовуються для рангової кореляції Спірмена: $S\{\uprho\}=1-\frac{6\sum_{i=1}^n d_i^2}{n(n^2-1)}$, де: d_i – різниця між рангами двох змінних для i -го спостереження, n – кількість спостережень.

Аналіз Венна. Для візуального представлення взаємозв'язків між різними наборами даних у Microsoft Excel було створено діаграму Венна із чотирма колами. Діаграма була налаштована шляхом налаштування розмірів кіл, кольорів та областей перекриття, щоб виділити загальні та унікальні елементи у групах.

Зважене рангове агрегування (WRA). Зважене рангове агрегування (WRA), засноване на точності ранжування (RA), – це надійний статистичний підхід, що використовується для об'єднання кількох методів ранжування в єдиний підсумковий рейтинг шляхом присвоєння кожному методу вагових коефіцієнтів залежно від його надійності. У контексті селекції рослин цей метод вирішує конфлікти між індексами селекції, такими як FAI-BLUP, MTSI, MGIDI та SHI, забезпечуючи точне визначення найкращих генотипів. Надаючи більшу вагу менш корельованим та більш надійним індексам, WRA покращує процес прийняття рішень та підвищує ефективність селекції.

9. Практика формування фототеки цифрових фотографій проса

Для точного фенотипування параметричних станів генеративних органів у різні фенофази онтогенетичного розвитку рослин розроблені і запропоновані для селекційної практики алгоритми обробки і переформатування цифрових фотографій у математико-статистичної матриці.

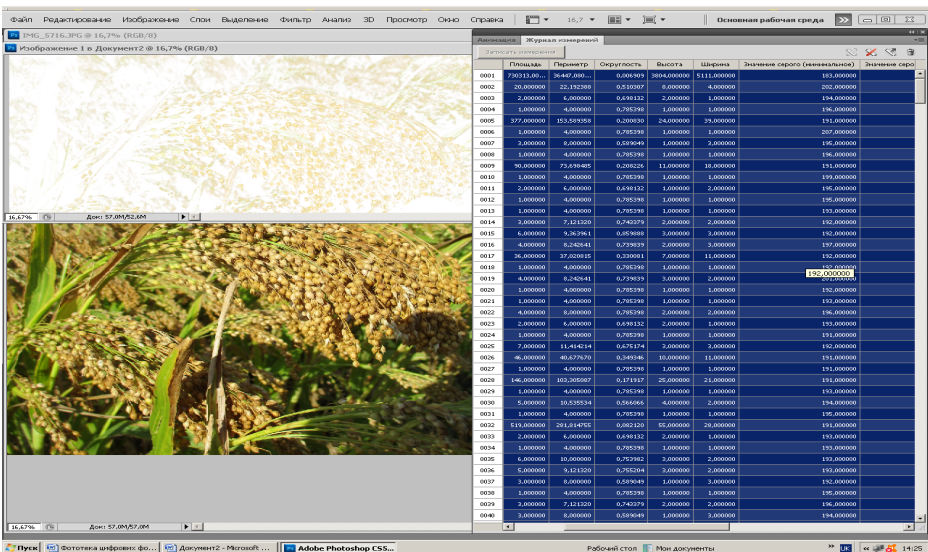


Рис. 1. Алгоритм виділення і сегментації генеративних органів через «маску»

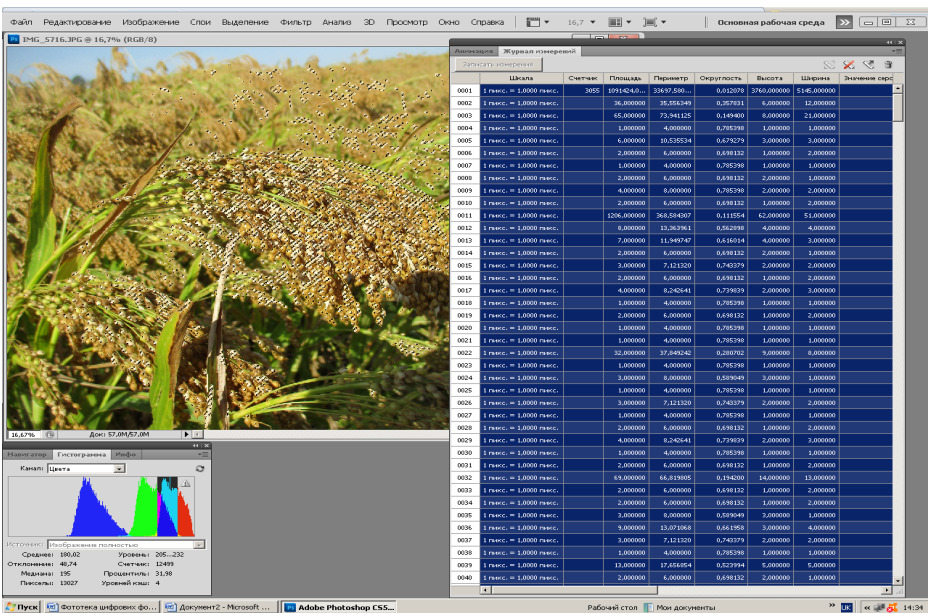


Рис. 2. Визначення фрактальної розмірності волоті через процентіль гістограми

Висновки

Таким чином, методика 2025 р. забезпечує поєднання польового та цифрового аналізу для виявлення реальних трансгресійних комбінацій і моделювання їх успадкованості в динаміці поколінь.

Таким чином, методика селекції проса є системою, де кожен крок підпорядкований логіці еволюційної самоналаштованості, а селекціонер виступає не як механічний добирач, а як модератор складного біоінформаційного процесу.

Список літератури

1. Springer N. M., Schmitz R. J. Exploiting induced and natural epigenetic variation for crop improvement. *Nature Reviews Genetics*. 2017. Vol. 18. P. 563–575.
2. Lenaerts B., Collard B. C. Y., Demont M. Improving plant breeding efficiency through information and communication technologies. *Theoretical and Applied Genetics*. 2019. Vol. 132, Iss. 3. P. 673–686.
3. Naqvi R. Z., Siddiqui H. A., Mahmood M. A. et al. Smart breeding approaches in post-genomics era for developing climate-resilient food crops. *Frontiers in Plant Science*. 2022. Vol. 13. Article 972164. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.972164>
4. Основи управління продукційним процесом польових культур / за ред. В. В. Кириченка. Харків, 2016. 712 с.
5. Vos J., Evers J. B., Buck-Sorlin G. H. et al. Functional–structural plant modelling: a new versatile tool in crop science. *Journal of Experimental Botany*. 2010. Vol. 61, Iss. 8. P. 2101–2115. <https://doi.org/10.1093/jxb/erp345>
6. Чернуський В. В., Левченко Л. П. Інноваційна система селекції сортів проса на продуктивність та адаптивність в умовах зміни клімату. *Теоретичні засади інноваційного розвитку рослинництва* : тези Міжнар. наук.-практ. інтернет-конф., присвяч. 120-річчю від дня народж. проф. І. М. Полякова (20 жовт. 2025 р., м. Харків). Харків, 2025. С. 98–101.
7. Роїк М. В., Чернуський В. В., Войтовська В. І. та ін. Методологія принципів формування параметричних баз метаданих (big data) онтогенетичних станів рослин для порівняння їх у цифровому форматі в селекційних розсадниках з метою оптимізації добору в технології селекції : наук.-метод. реком. Київ : Аграрна наука, 2024. 96 с.

Наукове видання

**В. В. Чернуський, С. М. Мандровська, В. І. Гореленко,
М. М. Мошенко, Н. Ф. Філатова, Н. А. Мостьовна,
Л. П. Левченко**

**СТВОРЕННЯ СИНЕРГЕТИЧНО-КОМПОЗИТНИХ
СОРТІВ-СИНТЕТИКІВ ПРОСА ЗВИЧАЙНОГО
З ПІДВИЩЕНИМ РІВНЕМ ПРОДУКТИВНОСТІ
І АДАПТИВНОСТІ. ІННОВАЦІЙНА МЕТОДОЛОГІЯ
СТВОРЕННЯ ПОЛІПШЕНИХ ЗА КОМПЛЕКСОМ
ГОСПОДАРСЬКО-ЦІННИХ ОЗНАК ГІБРИДІВ
ПРОСА ЗВИЧАЙНОГО ШЛЯХОМ ЗАСТОСУВАННЯ
ПРОГРЕСИВНИХ ТЕХНОЛОГІЙ АНАЛІЗУ НАЩАДКІВ F₁
НА ПЛАТФОРМІ ВИКОРИСТАННЯ ІННОВАЦІЙНИХ
МЕТОДІВ ТОЧНОГО ФЕНОТИПУВАННЯ**

Науково-методичні рекомендації

Електронне видання

Погоджено до опублікування 07.11.2025.
Формат: PDF. Гарнітура Cambria.

Видавець

Інститут біоенергетичних культур і цукрових буряків НААН
03110, м. Київ, вул. Клінічна, 25
Тел.: (044) 275-50-00; e-mail: sugarbeet@ukr.net
<https://bio.gov.ua>

Свідоцтво суб'єкта видавничої справи
ДК № 5713 від 19.10.2017

