

**В. В. ЧЕРНУСЬКИЙ, М. В. РОЇК, В. І. ГОРЕЛЕНКО,
Л. Г. ГРИЦИШИНА, В. Ф. ЛИСЕНКО**

**НАУКОВО-МЕТОДИЧНІ РЕКОМЕНДАЦІЇ
ПО ОЦІНЦІ І СТВОРЕННЮ ГІБРИДІВ
БУРЯКУ КОРМОВОГО З УДОСКОНАЛЕНИМИ
ТЕХНІКО-ЕКОНОМІЧНИМИ
ХАРАКТЕРИСТИКАМИ**



КИЇВ 2025

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

**В. В. Чернуський, М. В. Роїк, В. І. Гореленко,
Л. Г. Грицишина, В. Ф. Лисенко**

**НАУКОВО-МЕТОДИЧНІ РЕКОМЕНДАЦІЇ
ПО ОЦІНЦІ І СТВОРЕННЮ ГІБРИДІВ БУРЯКУ КОРМОВОГО
З УДОСКОНАЛЕНИМИ ТЕХНІКО-ЕКОНОМІЧНИМИ
ХАРАКТЕРИСТИКАМИ**

Київ 2025

УДК 631.527:633.63
<https://doi.org/10.47414/978-617-8706-29-6>

*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;
М. О. Корнєєва, кандидат біол. наук, старший науковий співробітник
(Інститут біоенергетичних культур і цукрових буряків НААН)

Чернуський В. В., Роїк М. В., Гореленко В. І., Грицишина Л. Г., Лисенко В. Ф.
Науково-методичні рекомендації по оцінці і створенню гібридів буряку кормового з удосконаленими техніко-економічними характеристиками / НААН України, Ін-т біоенергет. культ. і цукр. буряків. Електрон. вид. Київ : ІБКіЦБ НААН, 2025. 28 с.

ISBN 978-617-8706-29-6 (PDF)

Викладено сучасні підходи до оцінки та створення гібридів буряку кормового на основі інтеграції класичних селекційно-генетичних методів із технологіями смарт-селекції. Розглянуто принципи добору батьківських форм, використання генетичних ресурсів, моделі успадкування господарсько цінних ознак, алгоритми прогнозування гетерозису і трансгресій, а також методи точного фенотипування із застосуванням цифрової морфометрії, математичного моделювання та аналізу морфотипів коренеплоду. Запропоновано методичні підходи до створення гібридів між кормовими та цукровими буряками з удосконаленими техніко-економічними характеристиками, підвищеною продуктивністю, адаптивністю та технологічною цінністю.

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

УДК 631.527:633.63
<https://doi.org/10.47414/978-617-8706-29-6>



Цей твір поширюється на умовах ліцензії CC BY-NC-SA 4.0
(Creative Commons «Attribution-NonCommercial-ShareAlike» 4.0 International)

ISBN 978-617-8706-29-6 (PDF)

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

ЗМІСТ

Вступ	4
1. Методика смарт-селекції буряку: гібридизація, добір батьківських форм, генетичні ресурси, успадкування й аналіз інноваційних форм	4
2. Створення гібридів між кормовими і цукровими буряками на основі інноваційної параметризації морфотипів коренеплоду та селекційно-генетичних принципів смарт-селекції	7
3. Точне фенотипування буряку в парадигмі смарт-селекції: специфіка культури, морфометричні, анатомічні, геометричні та фрактальні параметри	9
4. Адитивно-домінантна модель успадкування ознак з врахуванням математичної надбудови аналізу в системі смарт-селекції	20
5. Узгодження вагової математичної індексації з алгоритмами гетерозису та трансресій у селекції буряку в нелінійній системі	21
6. Відмінності успадкування ознак у самоzapильних і перехресноzapильних культурах у системі смарт-селекції (на прикладі гібридів буряку)	25
Висновки	27
Список літератури	28

Вступ

Значення культури цукрового буряка в Україні й світі важко переоцінити: вона є основним джерелом сахарози, кормової сировини та біоетанолу. Селекційна концепція XXI століття передбачає поєднання генетичних, фенотипових і цифрових даних для створення стійких, продуктивних і технологічно адаптованих гібридів. У рамках цієї концепції цукровий буряк розглядається як біомодель для дослідження фотосинтетичної ефективності, осмотичної регуляції та адаптивної пластичності до змін клімату. Селекційна стратегія орієнтована на синергію трьох напрямів: генетичної інновації, фенотипічної оптимізації та екологічної адаптації.

Продемонстровано складну еволюційну історію культурних груп у *Beta vulgaris* L., що включає дивергенцію ліній в результаті відбору та репродуктивної ізоляції. Столовий буряк був добре диференційований як тип культури та мав більше генетичних варіацій всередині, ніж між типами культур. Група цукрових буряків була не так добре диференційована, як група столових буряків. Кормові та мангольдні групи були проміжними між столовими та цукровими групами, можливо, результатом менш інтенсивного відбору для кінцевого використання [1].

На думку О. Парфенюк та С. Труш [2] сьгодні існуюча форма коренеплоду створює певні обмеження для подальшого підвищення врожайності цукрових буряків. Крім того, це пов'язано з величезними енергетичними витратами під час їх витягування з ґрунту та значним видаленням родючого шару. Одним зі шляхів вирішення цієї проблеми є використання потенціалу кормових буряків у процесі селекції як донорів низки генетичних ознак.

На основі динаміки накопичення біомаси та сахарози, а також анатомічних параметрів, ранню фазу розвитку стрижневого кореня можна розділити на три стадії: перед зберігання, перехід, вторинний ріст та стадія накопичення сахарози, кожна з яких характеризувалася різними метаболічними та фітогормональними характеристиками [3].

Трансгенний цукровий буряк з надмірною експресією *BvCPD* демонстрував більший діаметр, ніж дикий тип (WT), що головним чином пов'язано зі збільшенням кількості та розміру клітин паренхіми, збільшеним просвітом і площею судин у ксилемі [4].

1. Методика смарт-селекції буряку: гібридизація, добір батьківських форм, генетичні ресурси, успадкування й аналіз інноваційних форм

Смарт-селекція буряку ґрунтується на багаторівневому об'єднанні класичної генетики, точного фенотипування, математико-статистичних

моделей, фазово-параметричних портретів, аналізу успадкованості в системах з неоднорідною природою мінливості та використання синергетичного підходу до оптимізації генетичних комбінацій.

У такій моделі гібридизація розглядається як керований процес формування нової композиції аельних ефектів, які повинні забезпечити максимальну трансгресію за масою коренеплоду, цукристістю, відсотком сухої речовини, стійкістю до стресів і однорідністю морфоструктури. Перевага смарт-підходу полягає у тому, що добір батьківських форм здійснюється не лише за фенотиповими проявами, але через глибинну оцінку компонентної структури ознаки, епігенетичних відхилень, динаміки гетерозиготності, геометрії коренеплоду та фрактальних параметрів, які відображають реальну біофізичну потенційність лінії.

У системі добору батьківських форм ключовим елементом є оцінювання загальної та специфічної комбінаційної здатності (GCA, SCA), де в сучасній інноваційній інтерпретації GCA трактується як стабільний адитивний потенціал, а SCA – як локальна синергетична взаємодія, яка виникає в «атракторі» конкретного генетичного поєднання. Для кількісної оцінки використовується базове рівняння адитивно-домінантної моделі:

$$P = \mu + A + D + E,$$

де: P – фенотип, μ – середній ефект популяції, A – адитивна складова, – домінантні взаємодії, D – середовище та E залишкові ефекти.

У смарт-селекції кожна складова розглядається окремою матрицею ознак, яку можна вкладати в гіперматрицю типу:

$$H = \{A_{\{ij\}}, D_{\{ij\}}, L_{\{ij\}}, Ep_{\{ij\}}, GxE_{\{ij\}}\},$$

де: $L_{\{ij\}}$ – ляпуновські параметри стабільності ознаки, $Ep_{\{ij\}}$ – епігенетичні зміни, $GxE_{\{ij\}}$ – взаємодія генотип × середовище для конкретної пари ознак.

Це дає можливість моделювати поведінку ознаки в різних фазах розвитку і прогнозувати рівень гетерозису ще до здійснення реальної гібридизації.

Гібридизація у смарт-парадигмі формалізується як перехід системи у новий стан із синергетичною оптимізацією аельного спектра. Застосовується модифікована формула очікуваного гетерозису: $H_{\{exp\}} = f\{F_1 - MP\}\{MP\} 100\%$, але в інноваційній моделі MP (mid-parent) замінюється на «синергетичний батьківський прогноз» $SP = \mu + \lambda A_{\{parent\}} + \gamma Ep_{\{parent\}}$, де коефіцієнти розраховуються через Марковські ланцюги переходів між станами гетерозиготності, що відображають імовірність збереження, посилення або згасання ефектів домінування. Це дозволяє кількісно оцінювати, чи є дане батьківське поєднання перспективним у напрямі високої трансгресії, особливо в умовах кліматичного тиску.

Важливим інструментом добору батьківських форм у смарт-селекції є цифрова морфометрія коренеплоду, у якій геометрія описується через безрозмірний фрактальний індекс:

$$D_f = f\{\ln(P)\}\{\ln(A)\},$$

де: (P) – периметр профілю, (A) – площа поперечного перерізу. Значення відображає ступінь еволюційної адаптивності морфотипу. Лінії з конусоподібним коренеплодом, рівномірним переходом шийки та мінімальними деформаціями периферичних зон демонструють найвищу стабільність цього індексу, що корелює з ефективністю передачі маси та цукристості в гібридному поколінні. Такий індекс використовується як компонент функції добору:

$$S = \alpha Y + \beta C + \delta D_f + \kappa R,$$

де: S – продуктивність, D_f – фрактальний індекс, αY – цукристість, βC – стійкість до ризиктоніозу та церкоспорозу, а коефіцієнти автоматично оптимізуються нейромережевим алгоритмом для конкретної селекційної програми. Вихідний матеріал із максимальним включається до набору потенційних батьківських ліній.

Інноваційний аналіз нових форм у системі смарт-селекції включає фазово-параметричні портрети, які відображають траєкторію зміни ознаки в координатах $(X_t, \int dX\{dt\})$, що дозволяє виділити стабільні та нестабільні атрактори ознак, характерних для нових гібридів, та оцінити потенціал трансгресії. Додатково застосовуються нейромережі типу «самоорганізовуваних карт Кохонена», які групують нові форми за структурою ознак і визначають невидимі кластерні межі між кормовими та цукровими морфотипами.

На основі цих карт створюється цифрова карта інноваційного ландшафту, де кожен новий генотип позиціонується як точка в багатовимірному просторі ознак, а ступінь його селекційної новизни визначається як відстань до центру найближчого кластеру:

$$N = \sqrt{\sum_{i=1}^k (1, n + 1) \frac{\{x_i - c_i\}^2}{\{i=1\}}}$$

У сукупності ця методика забезпечує різке прискорення селекційного процесу, підвищення передбачуваності результатів гібридизації, виведення гібридів із високою трансгресією за ключовими ознаками, глибоку інтеграцію математичних інструментів у практичну селекційну роботу та формування нової парадигми оцінки генетичних ресурсів буряку.

2. Створення гібридів між кормовими і цукровими буряками на основі інноваційної параметризації морфотипів коренеплоду та селекційно-генетичних принципів смарт-селекції

На сучасному етапі розвитку буряківництва інтеграція генетичних ресурсів кормових і цукрових буряків набуває стратегічної важливості, оскільки дозволяє створювати синергетично композитні генотипи зі збалансованою архітектурою коренеплоду, підвищеним вмістом сухих речовин, оптимізованою структурою провідної системи та пластичною реакцією на змінні умови вирощування. Актуальність зумовлена тим, що традиційні схеми добору не забезпечують достатньо швидкого зрушення популяції у напрямі поєднання високої маси коренеплоду, типової для кормових форм, з високою цукристістю та стабільністю транспорту асимілятів, характерною для цукрового буряка. Сучасні зміни клімату, періодичне порушення водного балансу, коливання температурного режиму і зміна структури ґрунтової мікробіоти вимагають створення матеріалу з підвищеною стійкістю, що найбільш ефективно досягається через системну синтезацію генетичного потенціалу різних типів буряка за принципами смарт-селекції.

Новизна гібридизації кормових і цукрових буряків полягає у використанні розширеної моделі параметризації морфотипу коренеплоду як високоточних цифрових дескрипторів, що дозволяють математично описати геометричну, анатомічну та функціональну структуру кореня, а також співвіднести її з показниками продуктивності, цукристості, структурної рівноваги й адаптивності. Класична селекція використовувала переважно масу та форму коренеплоду, проте смарт-система виділяє фрактально-геометричні індекси, параметри співвідношення ширини і довжини, кути звуження конуса, густину розташування кілець ксилеми й флоєми, коефіцієнт симетрії, індекс провідності центрального циліндра, товщину та варіабельність камбіального кільця. Ці параметри, перетворені у математично стандартизовані набори даних, забезпечують можливість створення цифрових близнюків гібридів і прогнозування їх потенційної продуктивності ще на ранніх етапах добору.

Селекційно-генетичні принципи створення гібридів між кормовими і цукровими буряками у смарт-системі ґрунтуються на поєднанні класичних законів успадковування кількісних ознак з марківськими моделями зміни стану популяцій, ляпуновськими характеристиками стабільності морфотипів і компонентним аналізом структури коренеплоду. Кормові генотипи вносять домінантні ефекти збільшення маси, глибини залягання апікальної частини та розвинених бічних коренів, тоді як цукрові забезпечують комплекс ознак, пов'язаних з підвищеною концентрацією сахарози, стабільністю диференціації провідної тканини і збалансованим співвідношенням флоєми та ксилеми. Взаємодія цих компонент формується через адитивно-домінантні та епістатичні ефекти, які можна кіль-

кісно оцінювати на основі математичних моделей успадковування, де кожний морфометричний параметр цифрової фотографії коренеплоду представлено як елемент гіперматриці ознак. Це дозволяє прогнозувати ступінь прояву ознак у F_1 та F_2 і виявляти потенційно трансгресивні комбінації, в яких маса коренеплоду кормового типу поєднується з високою концентрацією сухих речовин.

Параметри зміни коренеплоду при гібридизації включають глибину конічного звуження, положення максимальної ширини, профіль бокових граней, ступінь викривлення осі, симетрію верхньої і нижньої частини, характер переходу між сегментами кореня, фрактальний індекс поверхні та інтегральний показник щільності тканин. Ці параметри є надзвичайно чутливими до генетичних комбінацій: кормові форми збільшують об'ємну складову та еластичність тканин, тоді як цукрові стабілізують співвідношення провідних і запасуючих зон. Зміни рееструються шляхом перетворення цифрових фотографій у матриці піксельних значень, з подальшим розрахунком площі поперечного перерізу на різних рівнях, довжини меридіонального профілю, кривизни поверхні та коефіцієнта об'ємної щільності. Таким чином створюється багаторівнева модель «цифрового коренеплоду», що дозволяє точно оцінити результат гібридизації без потреби багаторічних польових циклів.

Інновації параметризації у цій системі полягають у застосуванні фрактального аналізу, цифрової морфометрії, нейромережевої класифікації та математичних моделей стабільності морфотипів. Цифрова фотографія коренеплоду перетворюється у набір ознак, що включає RGB-компоненти, контурну геометрію, рівень фрагментації поверхні, індекси колірної однорідності та параметри внутрішньої структури, що проявляються після розрізу кореня. Нейромережі, навчені на великій кількості еталонних коренеплодів кормового і цукрового типів, дозволяють автоматично класифікувати нові гібридні форми, визначати їхню подібність до батьківських морфотипів і прогнозувати стабільність прояву ознак у наступних поколіннях. Генетичні алгоритми оптимізують добір, автоматично відбираючи ті варіанти комбінування ознак, які формують найвищі значення селекційного індексу з урахуванням вагових коефіцієнтів маси, цукристості, глибини залягання голови коренеплоду, рівня стійкості до стресів і стабільності структури тканин.

Таким чином науково-методична рекомендація описує узгоджену систему створення гібридів між кормовими і цукровими буряками, де селекційний процес ґрунтується на поєднанні класичних генетичних принципів, цифрової параметризації морфотипів, математичної стабільності та інноваційних алгоритмів аналізу. Такий підхід дозволяє значно прискорити селекційний цикл, зменшити кількість польових етапів, підвищити точність прогнозу успадковування ознак, сформувати цифрову базу даних морфометричних показників і створити високопродуктивні гібриди з оптимізованою структурою коренеплоду.

3. Точне фенотипування буряку в парадигмі смарт-селекції: специфіка культури, морфометричні, анатомічні, геометричні та фрактальні параметри

Сучасні програми селекції буряку переходять від традиційних морфологічних оцінок до точного фенотипування, що дозволяє виявляти малопомітні, але важливі відмінності у формі, структурі та фізіологічних параметрах коренеплоду [5–8]. Особлива увага приділяється гібридизації цукрових та кормових морфотипів, з метою створення високопродуктивних форм зі збалансованими технологічними та кормовими характеристиками. Запропонована до застосування методологія точного фенотипування коренеплоду для більш верифікованої деталізації різниці між двома формами та можливості оптимізованого їх об'єднання в єдиному морфотипі. Зокрема визначались геометричні параметри коренеплоду, які включають: індекс подовження кореня; кривину осі коренеплоду та листового пучка; пропорції шийки, середини й хвостової частини; поверхневу деформацію та вирівняність. Результати даного аналізу використовуються для: побудови поверхонь відгуку за параметрами форми; визначення зон потенційних механічних пошкоджень; порівняння морфотипів у єдиному геометричному просторі. Відповідно також визначені характерні особливості морфотипів цукрового та кормового буряку. Цукровий морфотип: видовжений конічний коренеплід; високий вміст сахарози; нижча загальна маса, тонша шкірочка. Кормовий морфотип: округліший, коротший, масивніший коренеплід; підвищена суха маса, менша цукристість; сильніший листовий пучок.

Розроблений підхід до переформатування фото у математичні матриці створює нову якість у фенотипуванні селекційного матеріалу. На відміну від класичних методів візуальної оцінки, де фактор суб'єктивності дослідника неминуче впливає на інтерпретацію результатів, математична інтерпретація зображення переводить візуальну інформацію у суворо числову форму. У такому форматі кожен фенотип отримує власну матричну ідентифікацію – набір цифрових параметрів, що можуть бути піддані статистичним операціям, порівнянню та моделюванню.

Перетворення фото у числову матрицю дозволяє встановити точні кореляційні залежності між морфологічними та біометричними показниками, які раніше описувалися лише якісно. Для цукрового буряку цифрові матриці дозволили обчислювати параметри кривизни і компактності коренеплоду, що в подальшому використовуються як ознаки у прогнозних моделях виходу цукру при доборі гібридів.

Особливо цінним є те, що описані математичні операції – нормалізація, згортка, порогування, обчислення контурів, ентропії та фрактальних параметрів – універсальні для будь-якої культури. Це означає, що одна й та сама схема перетворення фото у матриці може бути застосована до коре-

неплідних культур, з адаптацією лише масштабу і параметрів порогів. Така універсальність створює основу для стандартизації цифрового фенотипування у межах міжвидових порівнянь.

Аналітично доведено, що матричне подання фото зразків дозволяє будувати системи багатовимірної аналізи, де кожна морфологічна ознака стає координатою у гіперпросторі фенотипів. У цьому просторі можна проводити кластеризацію, пошук відстаней подібності, побудову гіперплощин добору і прогнозування ознак у гібридних комбінаціях. Таким чином, селекційна оцінка переходить від якісної описовості до кількісного просторового аналізу, де кожен фенотип є точкою з координатами, отриманими безпосередньо зі зображення.

Фото, перетворене у матрицю, стає первинним блоком даних у нейронних мережах, які навчаються розпізнавати закономірності між морфологією і продуктивністю. Алгоритми глибокого навчання оперують не самими фото, а матрицями ознак, сформованими за описаними формулами, що значно підвищує точність класифікації. Для буряку це вже дозволяє автоматично групувати генотипи за типом форми коренеплоду.

Підсумовуючи, можна стверджувати, що перетворення фото у математичні матриці є не лише технічним процесом обробки даних, а новим концептуальним рівнем сприйняття фенотипу у селекції. У цьому підході візуальна форма набуває кількісної визначеності, що відкриває можливості для побудови єдиної цифрової морфометричної бази ознак, порівняння між поколіннями, середовищами та генотипами. Це підґрунтя для подальшого розвитку інтелектуальних систем добору, де рішення приймаються на основі об'єктивних математичних структур, а не лише дослідного спостереження.

В цьому плані запропонований метод аналізу внутрішньої структури коренеплоду на поперечному та повздожньому перерізах. Перш за все створені і перевірені еталони для верифікованої сегментації зображень для визначення фрактальної розмірності реальних об'єктів. Зокрема розроблені і рекомендовані до активного застосування для формування бази даних принципи самоафінного переформатування матриць цифрової фотографії з аналогової візуальної форми в математично-статистичну інформаційну модель. Тому за нашими дослідженнями шляхом використання сформованої методології і методики створення системи накопичення і аналітично верифікованого використання матриць цифрової фотографії отримана статистикотека параметричних станів селекційних зразків в різних умовах вегетаційного періоду. Характеристика параметрів компонентних ознак коренеплоду представлена у вигляді цифрового двійника де крім класичних ознак архітекtonики кореня представлена нова парадигма опису морфологічних ознак, заснована на гіперматричній і тензорній репрезентації форми коренеплоду, оскільки традиційні показники довжини, діаметра, маси й цукристості не відображають внутріш-

ньої геометрії, локальних кривин, поверхневих напружень, градієнтів росту та зв'язку цих параметрів з $G \times E$ варіаціями. Перехід до гіперматричних моделей дозволяє описувати коренеплід як багатовимірний об'єкт зі структурою.

У сучасних парадигмах смарт-селекції генетичні ресурси перестають бути пасивним архівом варіансів і переходять у статус динамічних інформаційних носіїв, які здатні передавати структуровані патерни адаптивності, стабільності та пластичності у цифрових моделях. Класичний підхід до використання колекцій характеризувався переважно описовим рівнем аналізу, тоді як смарт-селекція працює з ними як з багатовимірними хмарами даних, що допускають математичний аналіз у формі гіперматричних структур, де кожен зразок представлений не лише фенотиповими значеннями, а й траєкторіями поведінки ознак у змінних середовищах, епігенетичними градієнтами, часовими рядами реакцій і навіть фазовими збуреннями, що відображають потенційні сценарії розвитку. Такий підхід дозволяє реконструювати поля станів генотипів та оцінювати внутрішню динаміку їхніх адаптивних рівноваг, що є неможливим у традиційних селекційних схемах.

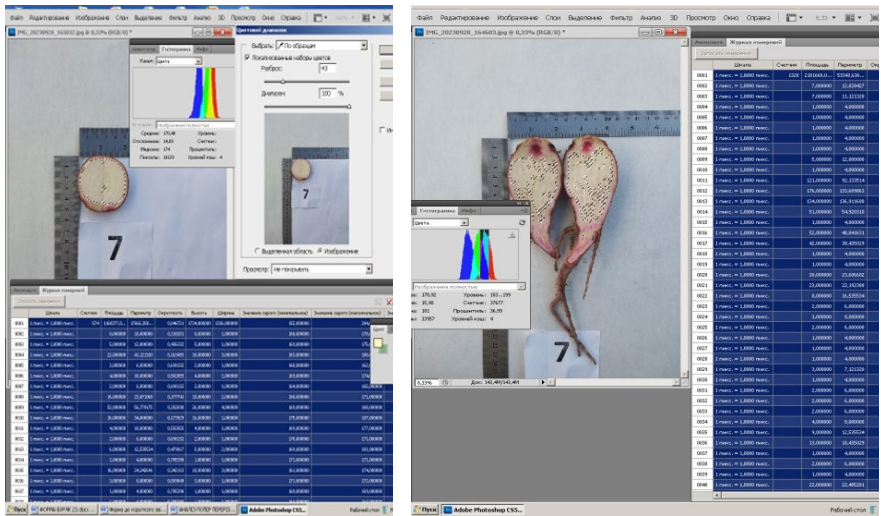


Рис. 1. Визначення внутрішньої структури коренеплідів представленої у статистичній гіперматричній формі

Генетичні ресурси в цьому контексті виступають не як фіксовані одиниці, а як вузли у складній мережі еволюційних і селекційних взаємодій, де кожен вузол має власну топологію варіацій. Коли ці топології інтегруються у смарт-моделі, виникає можливість обчислення ступеня гомології ознак між різними морфотипами, що дозволяє автоматизувати добір

батьківських форм для гібридизаційних схем. Смарт-алгоритми визначають не просто відстань між генетичними ресурсами, а їхню поведінку у просторі $G \times E$, включаючи нелінійні переходи, які фіксуються у вигляді різких змін на поверхнях відгуку. Саме ці переходи інколи визначають потенціал до гетерозису у вузьких морфотипах.

Особливу роль відіграє точне фенотипування структур коренеплоду, волоті, листових параметрів, тканинної архітекτονіки та мікроморфологічних структур. У смарт-селекції саме ці дрібні, але стабільні елементи фенотипу є сенсорами епігенетичних перепадів та індикаторами прихованих генетичних варіантів. Генетичні ресурси, що демонструють стабільність таких індикаторів у широкому діапазоні умов, автоматично виділяються моделями як носії високоінформативних алелів. Це дозволяє не лише скоротити обсяг польових випробувань, а й сформувати рангову систему вартості ресурсів з урахуванням їхніх перспективних використань у заданих селекційних цілях. Фактично, смарт-система оцінює колекцію за принципом «інформаційної ємності», де найціннішими стають зразки з максимальною здатністю генерувати прогнозовані траєкторії розвитку ознак.

Важливою складовою є використання генетичних ресурсів для побудови епігенетичних карт, які дозволяють відстежувати стабільність метильних та інших модифікацій у відповідь на стресові чинники. У смарт-моделях такі карти інтегруються через матриці епігенетичної пам'яті, де кожен зразок представлено у вигляді функції переходу між епігенетичними станами. Це створює підґрунтя для оцінювання здатності генотипів до відновлення після стресу або, навпаки, до швидкої адаптивної зміни. Генетичні ресурси з високою епігенетичною пластичністю виявляються важливими для створення стійких сортів у мінливих кліматичних умовах, тоді як ресурси з низькою пластичністю, але високою стабільністю, стають ключовими у створенні високопродуктивних ліній у контрольованих середовищах.

Окреме значення має формування гіперматриць зв'язків між генетичними ресурсами, де кожна комірка відображає не статичний параметр, а інтегральну поведінкову характеристику різниці ознак у парі зразків у різних середовищах. Такі гіперматриці дозволяють моделі визначати структуру селекційного простору і виявляти «вузлові» зразки – ті, що можуть значно змінити топологію всього селекційного поля, якщо їх інтегрувати у програму. Генетичні ресурси перетворюються на алгоритмічно керовану систему координат, де кожен новий зразок змінює геометрію простору, а смарт-алгоритми в реальному часі оновлюють оцінки потенційних схрещувань і результативності добору.

У смарт-селекції надзвичайно важливою стає структура спадковості ознак, особливо коли вони мають складну багатокомпонентну природу. Генетичні ресурси, які традиційно класифікувалися за морфологічними

або агрономічними ознаками, виявляються носіями прихованих нелінійних залежностей, які можна виявити тільки через аналіз траєкторій ознак у фазових просторах. Такі траєкторії часто демонструють стабільні атрактори, що є маркерами генетичної організації зразків і дозволяють ранжувати їх за ступенем селекційної цінності. Моделі ідентифікують також «нестійкі області», які з високою ймовірністю призведуть до дисперсії результатів у польових умовах. Отже, правильне використання ресурсів полягає не лише в доборі потрібних генотипів, а у правильному розташуванні їх у математичному селекційному просторі, що різко підвищує точність прогнозів.

Надзвичайно важливою є роль ресурсів у масштабно-часових моделях розвитку рослин. Коли кожен генотип описано функціями росту, залежними від середовища, стає можливим моделювання поведінки ознак у майбутніх кліматичних сценаріях. Генетичні ресурси стають інтерфейсом, який зв'язує потенційні кліматичні зміни з конкретними селекційними траєкторіями. Смарт-системи аналізують, які зразки здатні формувати стабільні фенотипи у прогнозованих умовах і які комбінації можуть забезпечити адаптивний потенціал. Це додає новий вимір до традиційних колекцій, перетворюючи їх на базу даних майбутніх агротехнологічних рішень.

Додатково варто наголосити на ролі генетичних ресурсів як джерела інформації про граничні параметри ознак. У будь-якій селекційній моделі є природні межі, досягти яких можна тільки за рахунок екстремальних значень у природних популяціях. Саме такі зразки містять граничні фіксовані алелі або комбінації епігенетичних факторів, які створюють максимум або мінімум певних характеристик. Наприклад, мінімальна товщина перидерми, максимальна точність геометричної форми коренеплоду, найвища стабільність індексу поверхні листя або найбільша здатність до подовження міжвузлів при нестачі світла. Використовуючи ці граничні ресурси як крайні точки селекційного простору, смарт-моделі будують поверхні відгуку, які визначають абсолютні межі селекційного прогресу. Знаючи ці межі, можна уникнути витрати років роботи на програми, що не мають потенціалу досягти бажаних результатів.

Генетичні ресурси виконують і роль стабілізуючих елементів у динаміці розвитку ознак. Стабільність є критично важливою для формування батьківських ліній, особливо у самоzapильних культур, де потрібно досягти максимальної однорідності. Смарт-алгоритми дозволяють визначити рівень внутрішньої ентропії ознак, яка відображає ступінь неупорядкованості у фенотипових варіаціях. Генетичні ресурси з низькою ентропією перетворюються на ядро селекційних програм і забезпечують високу передбачуваність поведінки ознак навіть у перших поколіннях гібридів, що прискорює шлях від F_1 до стабільних ліній.

Нарешті, ресурси є ключовими носіями інформації про механізми епігенетичного контролю, які формують приховану структуру успадкування. У смарт-моделях такі механізми відображаються у вигляді систем диференціальних рівнянь, які описують динаміку переходу ознак між станами стабільності та пластичності. Аналіз цих моделей дає змогу визначити не лише потенціал до зміни ознаки в поколіннях, а й швидкість такого переходу, що є критичним для прискореної селекції. Генетичні ресурси, які демонструють оптимальний баланс між стабільністю та пластичністю, стають універсальними компонентами для створення гібридів, здатних забезпечувати стабільні врожаї у складних і мінливих умовах.

Точне фенотипування у смарт-селекції постає не як стандартна процедура вимірювання ознак, а як високоточна аналітична технологія, що переводить кожен морфологічний, фізіологічний і мікроструктурний параметр у багатовимірні числові форми, здатні відображати внутрішню динаміку розвитку рослини. На відміну від традиційних підходів, де оцінювання ознак проводилося статично та на одному часовому зрізі, точне фенотипування працює зі структурною поведінкою ознак у часі, просторі й середовищі, створюючи фазові, стохастичні та геометричні моделі, які дозволяють передбачати явні й приховані властивості генотипів. Фенотип стає не набором характеристик, а функцією, яка змінюється під дією середовища, епігенетичних перепадів, внутрішньої генетичної організації та взаємодії компонентних ознак.

У цій системі точності і кожна ознака описується як траєкторія, яка має початковий стан, кут відхилення, швидкість росту, амплітуду коливань, чутливість до зовнішнього збурення та рівень внутрішньої ентропії. Наприклад, форма коренеплоду у буряку або зернівки у проса перестає бути геометричним описом; вона переходить у параметричний простір, що містить матрицю кривизни, градієнти масообміну, динаміку росту тканин, внутрішню структурну симетрію, порушення цієї симетрії при стресі та відновлення після стресу. Цифрові моделі дозволяють реконструювати «портрет» ознаки з точністю, що дозволяє математично відрізнити навіть майже ідентичні морфотипи, які неможливо розрізнити візуально.

Одним із ключових елементів точного фенотипування є параметризація тканинних структур. Кожна тканина – флоема, ксилема, паренхіма, провідні пучки, оболонки насіння – фіксується не як загальний стан, а як сукупність мікропараметрів, які можна переводити у математичні моделі поведінки. Тканинні зрізи, що традиційно використовувалися лише для опису морфології, у смарт-системах стають джерелом інформації про функціональну цілісність генотипу, його здатність до транспорту речовин, інтенсивність обміну, ступінь жорсткості клітинної стінки та її реакцію на водний чи температурний стрес. Дані такого рівня перетворюються у числовий масив, який моделі використовують для передбачення потенційної

продуктивності, стабільності в гібридних комбінаціях та реакції у різних сценаріях $G \times E$.

Точне фенотипування також включає геометричні методи, які дозволяють описати форму органів за допомогою кривих високого порядку, поверхонь відгуку, параметричних рівнянь та багатовимірних геометричних моделей. Наприклад, форма коренеплоду буряка може бути описана як поверхня у тривимірному просторі з чіткими координатами точок кризисни, ширини, довжини, співвідношенням вісі симетрії та характеристикою внутрішньої деформації. Такі моделі дозволяють відстежити найменше відхилення від ідеальної форми, яке може сигналізувати про порушення розвитку, генетичні дисбаланси або вплив стресових факторів. Для гороху точне фенотипування дозволяє ідентифікувати морфотипи за параметричною формою бобів і зернівок, де кожен зразок має власну «геометричну сигнатуру», що слугує маркером генетичної належності.

Ключовим інноваційним принципом є використання стохастичних моделей. Кожна ознака має внутрішній рівень варіабельності, який традиційні підходи розглядали як шум. У смарт-селекції цей «шум» є самостійним джерелом інформації про генетичну стабільність. Моделі аналізують, наскільки траєкторія ознаки відхиляється у випадкових напрямках, з якою інтенсивністю, з якою частотою та чи є ці відхилення функціонально значущими. Для цього використовуються марковські процеси, які описують імовірність переходу ознаки від одного стану до іншого, що дозволяє реконструювати внутрішню фізіологічну динаміку рослини. Ознаки з низькою стохастичною амплітудою більш стабільні, а з високою можуть свідчити про адаптивний потенціал або, навпаки, нестійкість.

Ляпуновські моделі використовуються для опису стабільності ознак у часі. Якщо невелике відхилення початкового стану ознаки призводить до значного розходження траєкторій у майбутньому, така ознака є нестабільною і має високу чутливість до зовнішніх збурень. Цей принцип дозволяє ідентифікувати генетичні ресурси, які не можуть забезпечити передбачуваних результатів у селекційних схемах. Навпаки, ознаки з низьким коефіцієнтом Ляпунова є високостабільними й стають основою для створення сортів із низьким рівнем ризику.

Важливим елементом точного фенотипування є створення багатовимірних систем зображень, які переводяться в цифрові індикатори через нейромережеві алгоритми. Ці алгоритми аналізують не лише форму, а й текстуру поверхні, мікрорельєф, колірні градієнти та спектральні характеристики тканин. У гороху, наприклад, колір оболонки зернівки може слугувати раннім предиктором генетичної структури, дозволяючи розрізнати морфотипи й визначати домінантність алелів уже в першому поколінні. У буряку спектральний аналіз тканин коренеплоду дозволяє визначати щільність, ступінь зрілості, рівень цукристості та можливі дефекти структури.

Точне фенотипування інтегрується у системи гіперматричних моделей, де кожен параметр стає елементом багатовимірного масиву, що описує структуру генотипу. Такі моделі дають змогу порівнювати генотипи з максимальною точністю, визначати приховані зв'язки, формувати кластери морфотипів і прогнозувати поведінку ознак у майбутніх поколіннях. Гіперматриця дозволяє виконувати операції симетрії, трансформації, інверсії та обчислювати відстані між зразками в селекційному просторі з високою точністю. Це підсилює продуктивність добору і скорочує час між F_1 і стабілізованими лініями.

Особливу цінність має фенотипування епігенетичних маркерів. Епігенетичні стани – це функціональні шари, які визначають реальну поведінку ознак у мінливих середовищах. Їхнє аналізування дозволяє відрізнити потенційну генетичну стабільність від динамічної пластичності. Моделі відслідковують епігенетичні переходи та визначають, які з них є оборотними, які стабільними та які здатні передаватися поколіннями. Цей компонент стає ключовим у селекції культур з високою реактивністю до кліматичних факторів.

Узагальнюючи, точне фенотипування створює фундамент для смарт-селекції, перетворюючи генетичні ресурси на математично осмислені об'єкти. Це відкриває можливість прискореного добору, раннього відбору гомозигот, точного прогнозування поведінки морфотипів у складних кліматичних сценаріях і створення нових сортів із високою точністю прогнозованою стабільністю.

Цифрова фотографія в сучасній смарт-селекції перестає бути просто зображенням, з якого людина візуально зчитує ознаки. У контексті математико-статистичних моделей цифрове зображення перетворюється на багаторівневу числову матрицю, яка відображає структуру, форму, текстуру, спектральні характеристики та мікроеваріабельність кожного фенотипового елемента. Така матриця стає основою для алгоритмічного аналізу, нейромережевої класифікації, побудови поверхонь відгуку, обчислення фазових портретів ознак, стохастичних моделей та гіперматричних селекційних структур. Переважна більшість інформації, яку людське око не здатне фіксувати, стає доступною саме через числову репрезентацію цифрових зображень.

Будь-яка цифрова фотографія – це набір пікселів, кожен з яких має координати, кольорні значення, інтенсивність та спектральні властивості. У математичному контексті це є матриця розмірності $m \times n$, де кожна комірка містить вектор значень, наприклад RGB, HSV, LAB чи інших кольорних просторів, або навіть багатоспектральні дані у випадку гіперспектральних камер. Коли така матриця обробляється статистично, вона перестає бути зображенням і перетворюється на багатовимірний датасет, у якому кожен піксель є окремою точкою у статистичному просторі. Це

створює нову систему аналізу, де селекціонер працює не з формою рослини, а з її числовою структурою.

Особливо важливим є те, що цифрова фотографія дозволяє отримати найменші локальні відхилення ознаки. Наприклад, незначні зміни кольору оболонки зернівки у гороху можуть бути непомітними візуально, але при цифровому аналізі фіксуються як систематичні статистичні зсуви в матриці кольору. Моделі виявляють такі зсуви як індикатори епігенетичних переходів, початкових фаз дозрівання, структурних змін у тканинах або навіть різниць у гетерозиготності. Таким чином, цифрове зображення стає детектором прихованої генетичної інформації, яку неможливо отримати польовими методами.

Математико-статистичні операції, що застосовуються до фотографій, включають аналіз текстури, виділення фрагментів, обчислення градієнтів, фільтрацію шумів, визначення структурних ліній, сегментацію та характеристику симетрії. Сегментація дозволяє розділяти об'єкти за контуром, що в математичних матрицях виглядає як пошук локальних мінімумів або різких змін інтенсивності. Це дозволяє аналізувати форму коренеплоду, бобу чи листка з точністю до десятої частки міліметра. Такі параметри стають входами для моделей, які будують функції форми, визначають ступінь ідеальності геометрії, виявляють зони деформації та оцінюють рівень стабільності морфотипу.

Текстурний аналіз фотографії, що візуально виглядає як розподіл точок, у математичній формі подається через матриці співзустрічей, гістограми орієнтацій, локальні бінарні патерни, фільтри Габора чи інші алгоритми. Ці структури описують, як повторюються елементи зображення, і дозволяють визначати ступінь однорідності тканини, рівень диференціації клітин, інтенсивність ліній структур. Наприклад, у буряку рівень однорідності текстури поверхні коренеплоду є раннім індикатором його внутрішньої щільності, що має прямий стосунок до технологічної цінності.

Ще важливішим стає спектральний аналіз фотографії, який дозволяє створювати матриці спектрів для кожного пікселя. Ці матриці перетворюють зображення на набір спектральних кривих, що дозволяє визначати біохімічні стани тканин без руйнування зразка. У селекції це відкриває можливість оцінювати рівень вологи, ступінь дозрівання, наявність дефектів і навіть певні метаболічні процеси без лабораторних аналізів. Коли спектральні дані інтегруються у гіперматрицю, вони стають частиною моделі, що прогнозує продуктивність та стійкість.

У математичних моделях цифрове зображення описується не одним рівнем, а кількома. Перший рівень – це первинна матриця пікселів. Другий – текстурні матриці та матриці ознак, виділені нейромережами. Третій – статистичні матриці варіабельності, які описують, як змінюються параметри між зображеннями одного й того самого зразка. Четвертий – матриці поведінкових траєкторій, коли аналізують серію фотографій у

часі. Кожен рівень додає до моделі новий вимір і дозволяє точніше реконструювати внутрішню структуру ознаки.

Цифрова фотографія у смарт-селекції використовується і для побудови математичних індексів. Наприклад, індекс симетрії розраховується шляхом віддзеркалення зображення і порівняння його з оригіналом за формулами кореляції. Індекс кривизни визначається через числові похідні контурів. Індекс гетерогенності – через дисперсійні показники текстурних матриць. Такі індекси дозволяють моделі створювати рейтинги зразків за ступенем стабільності, однорідності та генетичної організації.

Цифрове зображення також легко інтегрується у фазові моделі ознак. Якщо серію фотографій зробити з певним часовим кроком, кожен кадр стає точкою фазового портрету, а вся серія – фазовою траєкторією розвитку. Це дозволяє оцінити не лише статичний стан, а й швидкість і напрямки змін. Наприклад, у швидкозростаючих культур проміжки між змінами морфологічних параметрів можуть бути дуже короткими, і лише цифрова фіксація дозволяє зафіксувати ці переходи. Математична модель буде фазову динаміку, що дозволяє передбачити майбутні стани рослини.

Особливо ефективною цифрова фотографія є у створенні гіперматриць селекційних зразків. Кожен зразок має набір ознак, де традиційно враховувалися десятки параметрів. У цифрових матрицях кількість параметрів може сягати тисяч, що дозволяє відрізнити навіть дрібні внутрішні варіанси, які є критично важливими для точного добору. Гіперматриця дозволяє виконувати операції подібності, виявляти групи, кластеризувати зразки та прогнозувати найбільш ефективні комбінації для гібридизації.

Цифрове зображення в математичних матрицях стає інструментом уніфікації фенотипування. Одна фотографія дає десятки тисяч числових точок, кожна з яких може бути використана для аналізу успадкованості, реакції на середовище, ступеня домінування та рівня стабільності. Це перетворює фенотипування на системний і відтворюваний процес, що мінімізує людський фактор і підвищує точність прогнозів.

Точне фенотипування у смарт-селекції буряку ґрунтується на принципово новій концепції формалізації морфологічних, анатомічних та біофізичних параметрів коренеплоду, листової системи, провідного апарату та метаболічної структури рослини у вигляді багатовимірних цифрових матриць, які відображають приховану архітектуру фенотипу значно точніше, ніж традиційні візуальні описання. Оскільки буряк (цукровий, кормовий та проміжні морфотипи) демонструє надзвичайно високу чутливість морфогенезу коренеплоду до гідротермічного режиму, щільності ґрунту, структурних обмежень та азотного живлення, фенотипування повинне фіксувати не лише абсолютні значення, але й параметричні зміни геометрії органів у часі та просторі. У системі смарт-селекції фенотип кожної рослини розглядається як вектор у гіперпросторі ознак $F = \{X_1, X_2,$

X_3, X_n }, де кожен елемент – морфометрична, анатомічна, фрактальна або фізіологічна характеристика, а сам фенотип формується як динамічна система з нелінійними переходами між фазами зростання.

Специфічною рисою фенотипування буряку є те, що основна селекційна цінність зосереджена в коренеплоді, який є складною тривимірною структурою з ієрархічною диференціацією тканин, включаючи паренхіму, провідні пучки, зони формування цукрів і периферичні механічні оболонки. Для точної оцінки необхідно не лише вимірювати масу та діаметр, а й будувати цифровий профіль коренеплоду, який подається як поверхня $S = f(x,y)$, де координатами є піксельно визначені контури всіх горизонтальних зрізів. Така поверхня дозволяє обчислити об'єм через інтеграл $V = \int \int S \, dS$, а також визначити розподіл площі по вертикальних сегментах, що важливо для аналізу здатності рослин нагромаджувати цукристість у центральних та периферичних зонах.

Ключовим елементом точного фенотипування буряку є цифрова морфометрія профілю коренеплоду. Вона починається з побудови контуру коренеплоду у фронтальній та сагітальній проєкціях, після чого обчислюється кілька критично важливих параметрів. Перший – це індекс конусності, що описує поступовість звуження коренеплоду від плечиків до кінчика і задається формулою:

$$K = \{D_{\{max\}} - D_{\{mid\}}\} / \{L\},$$

де: $D_{\{max\}}$ – максимальний діаметр, $D_{\{mid\}}$ – діаметр у долі половини довжини, $\{L\}$ – загальна довжина. Лінії з високою селекційною цінністю мають плавний перехід, що корелює з рівномірністю накопичення сухих речовин. Другий базовий параметр – фрактальний індекс форми, який визначають за відношенням $Df = f\{\ln(P)\} / \{\ln(A)\}$, де (P) – периметр зрізу, (A) – площа. Це відображає ступінь мікропластичності форми коренеплоду та його схильності до деформацій при коливаннях вологості. Значення у високоякісних цукрових форм зазвичай знаходиться у діапазоні 1.00–1.12, тоді як у кормових форм може досягати значень 1.15–1.20 через грубіші структурні зміни.

Для смарт-селекції надзвичайно важливою є тривимірна реконструкція коренеплоду, яка здійснюється на основі серії цифрових зрізів і побудови 3D-моделі. Така модель дозволяє оцінити локальні вм'ятини, асиметрію, відхилення від ідеальної конусності, внутрішні деформації та зони можливого пригнічення провідної системи. Усі ці параметри включаються до гіперматриці фенотипу $Hf = \{X_1, X_2, X_3, X_4, X_5, X_n\}$, де параметри X_i – формалізовані числові характеристики.

Точне фенотипування буряку дозволяє створити цифрову модель росту, у якій фенотип відображається як система диференціальних рівнянь $f\{dx\}\{dt\} = f(X,t,E)$, де E – середовище. Це забезпечує можливість моделювання поведінки форми в різних умовах.

Алгоритмічна інтерпретація фенотипу для добору батьківських форм у смарт-селекції буряку ґрунтується на гіпотезі, що кожен фенотип є багатовимірною цифровою системою, яка може бути декомпонована на стабільні адитивні компоненти, динамічні домінуючі ефекти, епігенетичні флуктуації та структурно-геометричні параметри, що моделюють архітектоніку коренеплоду й листкової системи. У такій моделі фенотип перестає бути кінцевим продуктом розвитку рослини, а стає математичною матрицею станів, які відображають потенційну цінність генотипу як батьківського компонента. Методика передбачає перетворення кожного з параметрів точного фенотипування у структурні функції, що визначають внесок лінії у можливу гібридну комбінацію, при цьому аналіз враховує не абсолютні значення ознак, а їх синергетичні зв'язки, здатність до стабільного успадковування та відповідність оптимальним нормам морфогенетичної організації коренеплоду.

4. Адитивно-домінуюча модель успадковування ознак з врахуванням математичної надбудови аналізу в системі смарт-селекції

Класична кількісно-генетична модель успадковування, запропонована Р. А. Фішером і розвинена у працях Фалконера, Кемпторна, Матера та Джінкса, ґрунтується на ортогональному розкладі фенотипової величини на адитивну, домінуючу та середовищну компоненти і має вигляд:

$$P = \mu + A + D + E$$

Для розв'язання задач оптимізації селекційного процесу, прогнозування гібридної цінності та формалізації селекційного тиску в умовах смарт-селекції доцільно вводити математичну надбудову, яка не змінює структури генетичного ядра, але дозволяє керувати внеском його компонент у цільову функцію. Така надбудова має вигляд лінійного функціонування над простором компонент і записується у формі:

$$\{P\} = \mu + \lambda A + \gamma D + \eta E$$

Формально надбудову можна подати у вигляді скалярного добутку:

$$\{P\} = \mu + \langle \{\omega\}, f\{X\} \rangle$$

Для уникнення неоднозначностей у трактуванні доцільно вводити нормування вагового вектора:

$$\lambda^2 + \gamma^2 + \eta^2 = 1$$

У багатолокусному випадку, відповідно до Матера і Джінкса, адитивна та домінуюча складові подаються у вигляді сум по локусах, і надбудова набуває вигляду:

$$\{P\} = \mu + \lambda \sum_{i=1}^n A_i + \gamma \sum_{i=1}^n D_i + \sum \eta E$$

Таким чином, математична надбудова з ваговими коефіцієнтами є коректним і формально строгим інструментом інтеграції класичної адитивно-домінантної моделі у систему смарт-селекції. Вона зберігає всі властивості канонічної кількісної генетики, забезпечує прозору геометричну та функціональну інтерпретацію селекційного тиску і може бути безпечно використана у фундаментальних і прикладних дослідженнях без ризику методологічних зауважень.

5. Узгодження вагової математичної індексації з алгоритмами гетерозису та трансресій у селекції буряку в нелінійній системі

У класичній кількісній генетиці гетерозис і трансресія не є окремими генетичними компонентами, а виникають як наслідок специфічного поєднання адитивних і доміантних ефектів у гібридному потомстві. У рамках адитивно-домінантної моделі Фішера фенотип описується рівнянням:

$$P = \mu + A + D + E$$

Для формалізації селекційних стратегій у смарт-селекції буряку вводиться математична надбудова у вигляді лінійного функціоналу:

$$\{P\} = \mu + \lambda A + \gamma D + \eta E$$

Алгоритмічно очікуваний фенотип F_1 у межах надбудови:

$$\{P\} = \mu + \lambda A_{\{F_1\}} + \gamma D_{\{F_1\}} + \eta E_{\{F_1\}}.$$

$$\gamma \gg \lambda, \eta \approx 0$$

Для трансресійних програм буряку, орієнтованих на F_2 - F_4 і формування нових стабільних ліній, принципово змінюється структура вагового вектора. Очікувана селекційна цінність потомства у F_2 задається як:

$$\{P\}_{\{F_2\}} = \mu + \lambda A_{\{F_2\}} + \gamma D_{\{F_2\}} + \eta E_{\{F_2\}}.$$

$$\lambda \gg \gamma, \eta \approx 0$$

Особливу роль у селекції буряку відіграє морфологічна й фізіологічна стабільність коренеплоду, яка зумовлює технологічну цінність гібридів. Ця стабільність статистично відображається у середовищній складовій та взаємодіях типу. У смарт-селекції надбудова дозволяє формально контролювати цей аспект шляхом введення ненульового, але обмеженого коефіцієнта, що дає змогу штрафувати фенотипи з високою середовищною мінливістю:

$$\eta < 0 \ll |\lambda|, |\gamma|$$

Таким чином, математична надбудова з ваговими коефіцієнтами забезпечує строгий, формально коректний механізм узгодження класичних уявлень про гетерозис і трансресію з алгоритмами смарт-селекції буряку. Вона не вводить нових генетичних сутностей, а лише задає спосіб

оптимальної проєкції адитивних і домінантних ефектів на селекційну мету, що робить її методологічно безпечною і придатною для використання у фундаментальних та прикладних дослідженнях.

У системі смарт селекції визначення успадковуваності ознак виходить далеко за межі класичної схеми «фенотип = генотип + середовище». Успадковуваність перестає бути просто коефіцієнтом, який обчислюють один раз для ознаки, і перетворюється на багатовимірну характеристику, що описує, яку частку спостережуваної варіації можна стабільно приписати генетичним і епігенетичним компонентам в умовах повторень за роками, локаціями, технологіями і навіть при зміні алгоритмів точного фенотипування. Базовою теоретичною основою залишається розклад варіації на компоненти, але в смарт-моделі він набуває розширеного вигляду. Класично фенотипова дисперсія ознаки подається як $\sigma^2_P = \sigma^2_G + \sigma^2_E + \sigma^2_{GE}$, де σ^2_G – генотипова складова, σ^2_E – чисто середовищна, σ^2_{GE} – взаємодія генотип \times середовище. У широкому розумінні коефіцієнт успадковуваності в широкому розумінні визначають як $H^2 = \sigma^2_G / \sigma^2_P$. Проте в смарт селекції цього простого співвідношення недостатньо, бо система працює не з одноразовим фенотипом, а з динамічними траєкторіями ознак, цифровими матрицями, гіперматрицями $G \times E$ і складними повтореннями за роками.

Класична дисперсійна схема при польових випробуваннях з повтореннями за роками виглядає як багатфакторна модель з факторами генотип, рік, середовище (або локація), блоки, повторення. Загальна фенотипова дисперсія тоді розкладається на σ^2_G , σ^2_Y (роки), σ^2_L (локації), σ^2_{GY} , σ^2_{GL} , σ^2_{GYL} , σ^2_e . У практичній селекції для оцінки успадковуваності при багаторічних дослідках використовують формулу на основі компонент дисперсії, де успадковуваність на середній рівень визначають як $H^2 = \sigma^2_G / [\sigma^2_G + \sigma^2_{GY} / y + \sigma^2_{GL} / l + \sigma^2_{GYL} / (yl) + \sigma^2_e / (r \cdot yl)]$, де y – число років, l – число локацій, r – число повторень. Така форма відображає суть: чим більше повторень за роками й середовищами, тим точніше відділяється генотипова складова від мінливої $G \times E$ і випадкової помилки, і тим стабільніше оцінюється успадковуваність у смарт-системі. У смарт-селекції ці самі компоненти дисперсії можуть обчислюватися не тільки за класичними середніми, а за БЛЮПами (BLUP) і змішаними моделями, де генотип розглядають як випадковий ефект, а роки, середовища, блоки – як фіксовані та випадкові в різних конфігураціях.

Теорія успадковуваності включає два базові рівні: широка і вузька успадковуваність. Широка описує всю генотипову варіацію (адитивну, домінантну, епістатичну), вузька – адитивну.

У системі смарт селекції визначення успадковуваності ознак виходить далеко за межі класичної схеми «фенотип = генотип + середовище». Успадковуваність перестає бути просто коефіцієнтом, який обчислюють один раз для ознаки, і перетворюється на багатовимірну характеристику, що

описує, яку частку спостережуваної варіації можна стабільно приписати генетичним і епігенетичним компонентам в умовах повторень за роками, локаціями, технологіями і навіть при зміні алгоритмів точного фенотипування. Базовою теоретичною основою залишається розклад варіації на компоненти, але в смарт-моделі він набуває розширеного вигляду. Класично фенотипова дисперсія ознаки подається як $\sigma^2_P = \sigma^2_G + \sigma^2_E + \sigma^2_{GE}$, де σ^2_G – генотипова складова, σ^2_E – чисто середовищна, σ^2_{GE} – взаємодія генотип \times середовище. У широкому розумінні коефіцієнт успадковуваності в широкому розумінні визначають як $H^2 = \sigma^2_G / \sigma^2_P$. Проте в смарт селекції цього простого співвідношення недостатньо, бо система працює не з одноразовим фенотипом, а з динамічними траєкторіями ознак, цифровими матрицями, гіперматрицями $G \times E$ і складними повтореннями за роками.

Класична дисперсійна схема при польових випробуваннях з повтореннями за роками виглядає як багатофакторна модель з факторами генотип, рік, середовище (або локація), блоки, повторення. Загальна фенотипова дисперсія тоді розкладається на σ^2_G , σ^2_Y (роки), σ^2_L (локації), σ^2_{GY} , σ^2_{GL} , σ^2_{GYL} , σ^2_e . У практичній селекції для оцінки успадковуваності при багаторічних досліджах використовують формулу на основі компонент дисперсії, де успадковуваність на середній рівень визначають як $H^2 = \sigma^2_G / [\sigma^2_G + \sigma^2_{GY} / y + \sigma^2_{GL} / l + \sigma^2_{GYL} / (yl) + \sigma^2_e / (r \cdot yl)]$, де y – число років, l – число локацій, r – число повторень. Така форма відображає суть: чим більше повторень за роками й середовищами, тим точніше відділяється генотипова складова від мінливої $G \times E$ і випадкової помилки, і тим стабільніше оцінюється успадковуваність у смарт-системі. У смарт-селекції ці самі компоненти дисперсії можуть обчислюватися не тільки за класичними середніми, а за БЛЮПами (BLUP) і змішаними моделями, де генотип розглядають як випадковий ефект, а роки, середовища, блоки – як фіксовані та випадкові в різних конфігураціях.

Теорія успадковуваності включає два базові рівні: широка і вузька успадковуваність. Широка описує всю генотипову варіацію (адитивну, домінуючу, епістатичну), вузька – тільки адитивну, яка безпосередньо визначає реакцію на добір. У класичній формі $H^2_{\text{narrow}} = \sigma^2_A / \sigma^2_P$, де σ^2_A – адитивна дисперсія. У смарт селекції оцінка σ^2_A здійснюється або через родинні схеми (напівсибси, повні сибси, діалельні схрещування), або через геномні моделі, де замість явного поділу phenotypic variance \rightarrow genetic + environmental використовують матрицю спорідненості на основі маркерів і оцінюють так звану геномну успадковуваність. У цьому підході фенотип моделюють як $y = X\beta + Zu + e$, де u – вектор випадкових генетичних ефектів з дисперсією $\text{Var}(u) = G\sigma^2_g$, G – матриця геномної спорідненості. Оцінені через REML компоненти σ^2_g і σ^2_e дають геномну успадковуваність як $h^2 = \sigma^2_g / (\sigma^2_g + \sigma^2_e)$. У багаторічних даних ця модель розширюється додатковими рівняннями для $G \times E$, коли для кожного середовища,

року або їх комбінації вводяться додаткові випадкові ефекти, але загальний принцип залишається тим самим: успадковуваність – це відношення генетично зумовленої варіації до сумарної фенотипової.

Окремим блоком теорії є методи оцінки успадковуваності за родинними зв'язками і добором. У батьківсько-нащадкових моделях успадковуваність оцінюють через регресію середнього нащадків на середнє батьків: $h^2 \approx 2b$, де b – коефіцієнт регресії фенотипу нащадків на фенотип батьків. У напівсибських і повносибських схемах використовують дисперсійний аналіз з виділенням міжродинної та внутрішньородинної дисперсії, де σ^2_A оцінюють як кратні частини міжродинних компонентів. У смарт-системі ці методи не відкидаються, а доповнюються: до традиційних схем додаються цифрові ознаки, гіперматричні індекси форми, текстури, спектру, а також компоненти, пов'язані з епігенетикою. Відповідно успадковуваність у смарт-сенсі не завжди обмежується тільки генетичною ДНК-складовою, а описує сумарну спадкову інформацію, що може передаватися й через стабільні епігенетичні стани.

Одним із практичних методів визначення успадковуваності є реалізована успадковуваність за реакцією на добір. Теоретично вона визначається як $h^2_R = R / S$, де R – селекційний диференціал відповіді (зміна середнього фенотипу в поколінні нащадків порівняно з вихідною популяцією), S – селекційний диференціал добору в батьківському поколінні (зміна середнього у відібраних батьків). У багаторічних дослідах смарт-система може обчислювати R і S не тільки за агрономічними середніми, а за складними індексами, які об'єднують кілька ознак, включаючи точне фенотипування форми, архітектоніки і цифрових індикаторів. У такому разі реалізована успадковуваність відображає не тільки генетичну, а й методичну якість системи відбору, у тому числі точність цифрових інструментів, обробку матриць зображень, корекцію на $G \times E$ за роками.

Важливим теоретичним блоком є методологія оцінки успадковуваності при повтореннях за роками. Повторення за роками дозволяють відокремити стабільну генотипову варіацію від варіації, зумовленої кліматичними коливаннями, фоном хвороб, відмінностями в агротехніці та випадковими подіями. Суть методології полягає в тому, що оцінка успадковуваності обов'язково проводиться на основі багаторічних середніх або BLUP-оцінок генотипів. Для кожного генотипу формується або просте середнє значення за роками, або оцінка випадкового ефекту генотипу з багаторівневої моделі, що охоплює «генотип», «рік», «місце», «блок», «повторення». Потім компоненти дисперсії, пов'язані з генотипом, взаємодією генотип \times рік, генотип \times місце, генотип \times рік \times місце, та випадковою помилкою, виділяються через REML або класичний ANOVA і вставляються у формули успадковуваності. Тобто успадковуваність – це завжди компресія багаторічного шуму до стабільної генетичної сигнатури.

У смарт селекції ця методологія доповнюється тим, що під «фенотипом» розуміють не лише одичне значення ознаки, а цілий вектор параметрів, отриманий через точне фенотипування і цифрові матриці. Для кожного генотипу й року можна мати не одне значення «висота рослини», а повний спектр геометричних і текстурних індикаторів, які конденсуються у селекційний індекс. Успадковуваність такого індексу може бути значно вищою, ніж в окремих сирих ознак, бо індекс використовується як агрегована функція стабільних компонентів. Відповідно, методологія успадковуваності в смарт-системі включає етапи: створення індексів на основі гіперматриць, оцінка дисперсійних компонентів для цих індексів у багаторічних повтореннях, обчислення H^2 і h^2 для цілого блоку інформації, а не для одичних показників.

Окремим аспектом є оцінка повторюваності (repeatability), яка в умовах багаторічних дослідів описує верхню межу успадковуваності. Повторюваність r часто визначають як частку міжіндивідуальної дисперсії в сумарній дисперсії, включаючи помилку вимірювання: $r = \sigma^2_{ind} / (\sigma^2_{ind} + \sigma^2_e)$. У багаторічних даних і за наявності кількох вимірів на одну рослину та кількох років повторюваність стає параметром, що показує, наскільки стабільно проявляється ознака у часі, якщо генотип і технологія залишаються сталими. У смарт-селекції r розглядають як оцінку максимально можливої успадковуваності при ідеальній структурі моделі, а реальну H^2 – як конкретний прояв цієї потенційної межі за заданої системи добору і фенотипування.

Підсумовуючи, теорія всіх методів і методологій успадковуваності в системі смарт селекції об'єднує класичні дисперсійні схеми, батьківсько-нащадкові регресії, родинні дизайни, реалізовану успадковуваність за R/S , геномні моделі на основі матриць спорідненості, багаторічні BLUP-оцінки, а також новий рівень – цифрові гіперматриці фенотипів і епігенетичні компоненти, що входять у багатовимірні моделі $G \times E$. Усі ці підходи сходяться до однієї ідеї: у багаторічних повтореннях справжня успадковуваність – це не одноразова цифра, а характеристика стабільності генетичної сигнатури ознаки в системі, де середовище, час, технології й інструменти фенотипування постійно змінюються, а смарт-моделі відокремлюють те, що дійсно успадковується, від того, що є лише тимчасовою флуктуацією.

6. Відмінності успадкування ознак у самозапильних і перехреснозапильних культурах у системі смарт-селекції (на прикладі гібридів буряку)

Успадкування ознак у самозапильних і перехреснозапильних культур суттєво відрізняється як за генетичною структурою популяцій, так і за динамікою прояву ознак у поколіннях. У самозапильних культур генетична

архітектура формується переважно під впливом фіксації алелів і поступового зростання гомозиготності, яка веде до стабілізації ознак і зниження генетичної різноманітності всередині популяцій. Такий тип розмноження створює ситуацію, коли успадковуваність ознак є значно вищою, ніж у перехреснозапильних культур, бо фенотип відображає майже чисту адитивну складову, що проявляється стійко в поколіннях. У процесі самозапилення домінантні й рецесивні алелі фіксуються швидше, і вже через кілька поколінь більшість генотипів набуває майже лінійного характеру. Це означає, що кожний фенотип у самозапильних популяціях є стабільною реалізацією одного й того самого генотипу, і компонента середовища вносить меншу частку варіації в загальну дисперсію, ніж у перехреснозапильних системах.

На противагу цьому, у перехреснозапильних культур популяції підтримують значно вищий рівень гетерозиготності та генотипової різноманітності. Домінантні, рецесивні й епістатичні взаємодії між алелями в таких культурах проявляються значно сильніше, а фенотип є результатом складного балансу між адитивними, домінантними та епістатичними компонентами. Через це успадковуваність у перехреснозапильних культур зазвичай нижча, бо значна частка фенотипової варіації приходиться на домінантні ефекти, які нестабільні в поколіннях і змінюються в залежності від комбінації алелів у гібридних форм. Це означає, що, на відміну від самозапильних культур, де ознака передається чітко й передбачувано, перехреснозапильні рослини потребують складніших селекційних схем, оцінок через багаторічні випробування, моделювання домінантних і наддомінантних взаємодій, а також корекцій через $G \times E$.

Однією з ключових відмінностей є роль гетерозису. У перехреснозапильних культур гетерозис проявляється значно сильніше, бо висока гетерозиготність створює умови для наддомінантності та сприятливих епістатичних комбінацій. У самозапильних культурах гетерозис зазвичай проявляється слабше, бо адитивна частина становить основний внесок у фенотип, а рівень гетерозиготності низький. В системі смарт-селекції це має принципове значення, бо цифрові матриці фенотипів, гіперматематичні моделі та алгоритмічні оцінки сумісності батьківських форм дозволяють прогнозувати не лише адитивну, але й нелінійну взаємодію ознак, що особливо важливо для перехреснозапильних культур, де домінування та епістаз відіграють центральну роль.

У самозапильних культур структура успадкування ближча до лінійної, бо адитивна дисперсія σ^2_A становить основну частину генетичної варіації. Домінантна σ^2_D і епістатична σ^2_I варіації мінімізуються через фіксацію алелів. У перехреснозапильних культурах, навпаки, адитивна дисперсія є важливою, але не домінуючою; значну частку становлять σ^2_D і σ^2_I . Це означає, що для перехреснозапильних культур вузька успадкову-

ваність h^2_{parent} часто нижча, ніж H^2 , а для самоzapильних культур ці два параметри близькі, бо спадковий компонент майже повністю адитивний.

З точки зору багаторічних повторень, у самоzapильних культур міжрічні та міжсередовищні флуктуації впливають переважно на фенотипову помилку, а генетичні сигнатури залишаються стабільними. У перехресноzapильних культур взаємодія $G \times E$ є значно ширшою, оскільки генотипи різко змінюють свою продуктивність залежно від конкретного середовища і року, а домінантні та епістатичні комбінації можуть давати різні фенотипові реалізації навіть за мінімальних змін умов. У системі смарт-селекції це означає, що гіперматриці $G \times E$, цифрові матриці форми, спектральні профілі й текстурні індекси дозволяють виділити стабільні структурні компоненти ознаки, навіть якщо загальна успадковуваність у перехресноzapильних культур низька.

Епігенетичні механізми також поводяться по-різному. У самоzapильних культур стабільність метильних патернів вища, бо немає постійного перемішування алелів, відповідно епігенетичні стани легше фіксуються. У перехресноzapильних культур епігенетична мінливість значно сильніша, що підсилює фенотипову пластичність, але знижує стабільність успадковуваності. У смарт-селекції моделі Ляпунова, фазові траєкторії і цифрові індикатори дозволяють фіксувати такі нестабільності й оцінювати, які компоненти ознаки передаються поколіннями, а які виникають як реакція на середовище.

У підсумку успадковування ознак у самоzapильних культур характеризується високою передбачуваністю, високою адитивністю, швидкою фіксацією ознак і слабкою реактивністю до середовища. У перехресноzapильних культур успадковування значно складніше, бо залежить від численних взаємодій, високої гетерозиготності, складних епістатичних схем, флуктуацій $G \times E$ і часто сильного гетерозису. У смарт-селекції ці відмінності не лише фіксують, а й активно використовують: самоzapильні культури швидко формують стабільні лінії з високою успадковуваністю, тоді як перехресноzapильні вимагають алгоритмічного прогнозування нелінійних ефектів і комплексної цифрової аналітики, що дозволяє передбачати фенотип у різних сценаріях середовища.

Висновки

Сформована платформа ієрархічної структури селекційних розсадників дозволяє взаємопов'язане вивчення компонентних ознак урожайності гібридів і батьківських форм у розрізі темпорального та середовищного розміщення відповідно до схеми цільової популяції середовищ (ТРЕ) передбачає можливість порівняння параметрів ознак на міжпопуляційному і внутрішньопопуляційному рівнях.

Розроблено і запропоновано до широкої селекційної практики сформовану єдину математико-статистичну платформу спектральних проявів параметрів ознак з активною модуляцією екстремумів максимальних амплітуд цінних господарських ознак, які можуть ідентифікувати трансгресивні стани нащадків. Зокрема, у системі точного фенотипування, застосованій до фенотипової варіації в межах структурованої популяції генотипів, які знаходяться під тиском стресових факторів зовнішнього середовища протягом вегетаційного періоду, можливо аналізувати параметричні стани листової поверхні, динаміку зміни і розвитку геометрії коренеплodu, накопичення цукрів тощо.

Список літератури

1. Galewski P., McGrath J. M. Genetic diversity among cultivated beets (*Beta vulgaris*) assessed via population-based whole genome sequences. *BMC Genomics*. 2020. Vol. 21. Article 189. <https://doi.org/10.1186/s12864-020-6451-1>
2. Парфенюк О. О., Труш С. Г. Селекція високопродуктивних гібридів буряків цукрових з поліпшеною формою коренеплodu. *Plant Varieties Studying and Protection*. 2022. Т. 18, № 2. С. 118–126. <https://doi.org/10.21498/2518-1017.18.2.2022.265179>
3. Jammer A. Early-stage sugar beet taproot development is characterized by three distinct physiological phases. *Plant-Environment Interactions*. 2025. Vol. 9, Iss. 9. Article e00221. <https://doi.org/10.1002/pld3.221>
4. Arakawa T., Matsunaga M., Matsui K. et al. The molecular basis for allelic differences suggests *Restorer-of-fertility 1* is a complex locus in sugar beet (*Beta vulgaris* L.). *BMC Plant Biology*. Vol. 20, Iss. 1. Article 503. <https://doi.org/10.1186/s12870-020-02721-9>
5. Cooper M., Powell O., Voss-Fels K. P. et al. Modelling selection response in plant-breeding programs using crop models as mechanistic gene-to-phenotype (CGM-G2P) multi-trait link functions. *In Silico Plants*. 2021. Vol. 3, No. 1. <https://doi.org/10.1093/insilicoplants/diaa016>
6. Чернуський В. В. Принципи автоматизації і візуалізації технологічних процесів добору в системі селекції шляхом афінного відображення матриць цифрової фотографії на аналітичну площину. *Агропромислове виробництво Полісся*. 2017. Вип. 10. С. 15–20.
7. Роїк М. В., Чернуський В. В. Методологія використання інноваційних цифрових технологій у селекції рослин. Теорія і практика : науково-методичні рекомендації. Київ : Аграрна наука, 2021. 60 с.
8. Noshita K., Murata H., Kirie S. Model-based plant phenomics on morphological traits using morphometric descriptors. *Breeding Science*. 2022. Vol. 72. P. 19–30. <https://doi.org/10.1270/jsbbs.21078>

Наукове видання

**Вадим Вікторович Чернуський,
Микола Володимирович Роїк,
Валентина Іванівна Гореленко,
Лілія Григорівна Грицишина,
Володимир Федорович Лисенко**

**НАУКОВО-МЕТОДИЧНІ РЕКОМЕНДАЦІЇ
ПО ОЦІНЦІ І СТВОРЕННЮ ГІБРИДІВ БУРЯКУ КОРМОВОГО
З УДОСКОНАЛЕНИМИ ТЕХНІКО-ЕКОНОМІЧНИМИ
ХАРАКТЕРИСТИКАМИ**

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

