

2]。在系統生物學的這個發展方向中，基於全基因組的代謝網絡的創建（GENRE，GENome-scale Network REconstruction）是最有前途的。GENRE

重建基於將整個基因組和基因表達的信息與構成代謝途徑的流量分佈或反應速率的模型預測、特定於每個研究生物體的生物量和能量成本的模型預測相結合的代謝組學數據 [3]。

目前，模式生物代謝的數學模型已經創建並發表：大腸桿菌、枯草芽孢桿菌、秀麗隱桿線蟲、斑紋線蟲、黑腹果蠅、小家鼠、褐家鼠，它們是基於重建的在全基因組數據上，並在各種實驗數據上成功驗證。

為了進一步發展這一知識領域，需要開發構建全基因組模型和構建新的非模式生物模型的方法，這既具有基礎意義，也具有應用意義。

報告將介紹創建代謝模型的主要階段，將 omix

數據整合到相應模型的方法的回顧，以及它們進一步分析和驗證的問題，以非模式生物，甲烷氧化細菌 *Methylovibrio alcaliphilum* 20ZR 為例。

這項工作得到了 RSF 資助號 23-24-00606 的支持。

文學

1. Gu C., Kim G.B., Kim W.J., Kim H.U., Lee S.Y. Current status and applications of genome-scale metabolic models, *Genome Biology*, 2019, vol. 20, P. 1-18.

2. Walakira A., Rozman D., Režen T., Mraz M., Moškon M. Guided extraction of genome-scale metabolic models for the integration and analysis of omics data, *Computational Structural Biotechnology Journal*, 2021, vol. 19, P. 3521-3530.

3. Richelle A., Kellman B.P., Wenzel A.T., Chiang A.W., Reagan T., Gutierrez J.M., ... Lewis N.E. Model-based assessment of mammalian cell metabolic functionalities using omics data, *Cell Reports Methods*, 2021, vol. 1, no. 3, 100040.

DOI 10.18699/sblai2023-16

Методы глубокого машинного обучения в феномике растений

Афонников Д.А.

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

ada@bionet.nsc.ru

Современная генетика сельскохозяйственных растений основана на поиске генов, контролирующих важные признаки, на основе полногеномных ассоциаций «генотип–фенотип». Для повышения точности анализа требуется оценка сотен и тысяч образцов в одном эксперименте. Для этого необходима обработка больших данных по фенотипам растений. Эти задачи активно решаются в рамках феномики – новой области науки, направленной на автоматическую массовую оценку фенотипа растений. Методы феномики основаны, прежде всего, на анализе цифровых изображений, как с помощью обычных алгоритмов, так и с помощью методов глубокого машинного обучения.

Методы глубокого машинного обучения направлены на более точное извлечение фенотипических характеристик растений на основе машинного обучения и применяются как в решении задачи сегментации, классификации изображений, так и в поиске объектов на изображении. В докладе будут представлены применение методов глубокого машинного обучения для распознавания грибных заболеваний пшеницы, в задаче анализа и классификации колосьев пшеницы, подсчета колосьев на изображениях посевов пшеницы, полученных с помощью БПЛА.

Работа частично поддержана грантом РНФ № 23-14-00150.

Deep machine learning methods for plant phenomics

Afonnikov D.A.

Institute of Cytology and Genetics of SB RAS, Novosibirsk, Russia

ada@bionet.nsc.ru

Modern genetics of crops is based on the search for genes that control important traits, based on genome-wide associations between genotype and phenotype. To increase the accuracy of the analysis, an assessment of hundreds and thousands of samples in one experiment is required. This requires processing big data on plant phenotypes. These tasks are being actively solved within the framework of phenomics, a new field of plant science aimed at automatic high throughput assessment of plant phenotype. The methods of phenomics are based primarily on the analysis of digital images, both using conventional algorithms and deep machine learning methods.

Deep machine learning methods are aimed at more accurate extraction of plant phenotypic characteristics and used both in solving the problem of segmentation, image classification, as well as searching for objects in the image. The report will present the application of deep machine learning methods for recognizing fungal diseases of wheat, in the task of analyzing and classifying wheat ears, counting ears on images of wheat crops obtained using UAVs.

The work supported in part by RSF grant No. 23-14-00150.

植物表型學的深度機器學習方法

Afonnikov D.A.

ICG SB RAS, 新西伯利亞, 俄羅斯

ada@bionet.nsc.ru

現代農業植物遺傳學基於基於全基因組基因型-表型關聯尋找控制重要性狀的基因。提高分析的準確性需要在單個實驗中評估成百上千個樣本。

這需要處理植物表型的大數據。

這些任務正在表型組學的框架內積極解決，表型組學是一個旨在對植物表型進行自動大規模評估的新科學領域。現象學方法主要基於對數字圖像的分析，既有傳統算法的幫助，也有深度機器學習方法的幫助。

深度機器學習方法旨在基於機器學習更準確地提取植物表型特徵，用於解決圖像中的分割、圖像分類和對象搜索等問題。

該報告將介紹深度機器學習方法在識別小麥真菌病害方面的應用，分析和分類麥穗問題，在使用無人機獲得的小麥作物圖像上計算穗數。

這項工作得到了俄羅斯科學基金會第 23-14-00150 號贈款的部分支持。

DOI 10.18699/sblai2023-17

Геометрия фазовых портретов одного класса генных сетей

Голубятников В.П.

Институт математики им. С.Л. Соболева СО РАН, Новосибирск, Россия

vladimir.golubyatnikov1@fulbrightmail.org

В недавней работе [1] исследована нелинейная динамическая система, описывающая генную сеть, которая контролирует функциональное состояние эмбриональных стволовых клеток мыши; там же были проведены вычислительные эксперименты, позволившие дать численное описание параметров модели, гарантирующих бистабильность этой системы.

С помощью методов качественной теории дифференциальных уравнений и подходов, разработанных нами в [2], мы исследуем фазовые портреты аналогичных динамических