

Данные примеры свидетельствуют о перспективности применения как одномерного, так и двумерного вейвлет-анализа изображений для решения специальных задач дистанционного зондирования в агрофизике.

Список литературы

1. Азовский А.И., Бурковский И.В., Колобов М.Ю., Кучерук Н.В., Сабурова М.А., Сапожников Ф.В., Удалов А.А., Чертопруд М.В. О самоподобном характере пространственной структуры сообществ литорального макро- и микробентоса // Журнал общей биологии. 2007. Т. 68. № 3. С. 180–194.
2. Астафьева Н.М. Вейвлет-анализ: основы теории и примеры применения // УФН. 1996. Т. 166. № 11. С. 1145–1170.
3. Голубев С. Н. Изменение видового разнообразия травяно-кустарничкового яруса при смене доминирующей эколого-ценотической группы в лесопарке «Пискаревка» (Санкт-Петербург) // Сборник материалов международной студенческой конференции по естественнонаучным и техническим дисциплинам «Научному прогрессу – творчество молодых». В 3-х ч. Ч. 3. Йошкар-Ола, 2009. С. 43.
4. Моисеев К. Г. Зинчук Е. Г. Вейвлет-мультифрактальный анализ: оценка состояния агроэкосистем по фотоизображениям // Научно-практическая конференция «Агроэкологические проблемы почвоведения и земледелия». Курск, 2015. С. 130–134.
5. Моисеев К. Г. Вейвлет-мультифрактальный анализ эмиссии парниковых газов // Расширенные тезисы докладов семинара с международным участием «Эмиссия парниковых газов и секвестрация углерода в почвах». СПб.: ФГБНУ АФИ, 2015. С. 39–44.
6. Орлов Д. С. Цвет и отражательная способность почв // Сорковский образовательный журнал «Науки о земле». 1997. № 4. С. 45–51.

DOI:

ПРИМЕНЕНИЕ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ ИНСТРУМЕНТОВ И ЭКОЛОГО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ АЛГОРИТМОВ ДЛЯ РЕШЕНИЯ ЗАДАЧ ПО ПОВЫШЕНИЮ ПРОДУКТИВНОСТИ РАСТЕНИЙ

Н. В. Кочерина

ФГБНУ «Агрофизический научно-исследовательский институт»

С точки зрения комплексного междисциплинарного подхода, для повышения продуктивности сельскохозяйственных культур необходимо применение достижений генетико-селекционного характера. В работе приведены примеры эколого-генетических подходов и генетических инструментов маркерной помощи селекции, основанных на статистических методах и подходах.

APPLICATION OF MOLECULAR GENETIC TOOLS AND ECOLOGICAL-GENETIC ALGORITHMS FOR SOLVING PROBLEMS OF INCREASING THE PRODUCTIVITY OF PLANTS

N. V. Kocherina

Agrophysical Research Institute

In addition to remote sensing technologies, an integrated interdisciplinary approach wins in solving plant productivity problems. Therefore, the aspects of ecological and genetic achievements in the field of plant breeding, the interaction of selection with classical, quantitative and molecular genetics are added to the technologies of accurate farming, cloud services for managing agricultural production and so on. One of the tools that ultimately affects the production of cultivated plants, which allows predicting the behaviour of the genetic parameters of a plant population under changes in ontogenetic, ecological and cenotic conditions for the formation of quantitative plant characteristics, are ecological-genetic algorithms for increasing the productivity of a plant. Ecological-genetic approaches to the successful solution of the problems of genetic selection are presented. In turn, molecular genetic studies have established the existence of individual key genes (quantitative trait loci), which contribute to the formation of a certain quantitative trait, although the measure of this contribution is regulated by the external environment. Such genetic loci constitute the main interest of the modern molecular approach to the selection of polygenic plant characteristics, including marker selection assistance. Such conditions are genetic mapping using molecular markers and the use of created maps for the analysis of associations of marker attributes is a step in the implementation of selection of auxiliary markers. Without accurate, statistically verified information about such associations and the processes of building genetic maps, it is impossible to carry out a marker-auxiliary selection, which in turn is expected to contribute to the acceleration of the selection process, including the creation of new varieties with the desired characteristics.

В настоящее время высокие технологии интенсивно внедряются в практику сельскохозяйственного производства, а особую роль в обеспечении информацией играют технологии дистанционного зондирования. Очевидно, что, помимо данных технологий, при решении задач по повышению продуктивности растений особое преимущество имеет комплексный междисциплинарный подход, а к технологиям точного земледелия и облачным сервисам по управлению сельскохозяйственным производством и др. присоединяются аспекты экологических и генетических достижений в области селекции растений и взаимодействия селекции с классической, количественной и молекулярной генетикой.

Одним из инструментов, в конечном итоге влияющих на повышение показателей производства культурных растений и позволяющим предсказывать поведение генетических параметров популяции растений при изменениях

онтогенетических, экологических и ценотических условий формирования количественных признаков, являются эколого-генетические алгоритмы повышения продуктивности растений, которые основываются на теории эколого-генетической организации количественных признаков (ТЭГОКП) растений. Данная теория является одним из современных направлений количественной генетики и базируется на явлении переопределения спектров генов и их числа при изменении лимитирующего фактора внешней среды, модульной организации сложного признака и существенных характеристик самого лимитирующего фактора, поскольку они позволяют понимать и определять закономерности реакций целостной системы генотипа растения на лимитирующие факторы внешней среды, механизмы развития количественного признака в онтогенезе, сдвиги доминирования у количественных признаков (и осуществлять прогнозы данных сдвигов в разных средах), природу экологически зависимого гетерозиса, а также прогнозировать его появление в условиях экологического или конкурентного лимитирования ростовых процессов и т.д. (Драгавцев и др., 1984; Кочерина, Драгавцев, 2008).

В качестве примера эколого-генетических алгоритмов повышения продуктивности растений, предназначенных для решения генетико-селекционных задач, можно привести следующие подходы:

- селекционная идентификация в популяции растений в очень широком диапазоне сочетаний фонового и селекционного признаков при слабых требованиях к фоновому признаку, что существенно расширяет возможности селекционной идентификации лучших генотипов;

- оценка коэффициента наследуемости с помощью принципа фоновых признаков посредством способа, позволяющего осуществлять экспрессное определение коэффициента наследуемости в расщепляющихся, диких и мутантных популяциях растений;

- использование статистических теорий ошибок для идентификации генотипов отдельных растений в расщепляющих популяциях по их фенотипам и подбора родительских пар сортов при гибридизации;

- алгоритмы прогноза успешности визуальной идентификации генотипа особи растений по ее фенотипу, основанные на анализе определенных

характеристик лимитирующих факторов внешней среды, например, визуально различимый плюсовой фенотип – это плюсовой генотип, обладающий генетически повышенной адаптивностью на фоне лимитирующих факторов – мороза, холода и жары, то есть факторов, не имеющих собственной дисперсии;

– проведение количественного анализа эффективности использования принципа фоновых признаков в селекции, который показывает, что при выявлении уникального генотипа случайный отбор часто может быть эффективнее отбора по «плюсовым» фенотипам и что система идентификации генотипов (при наличии идеального фонового признака и при «ортогональной» идентификации) позволяет определять генотипы почти в 1000 раз эффективнее по сравнению с визуальной идентификацией при оценке каждого поколения выращивания популяции растений;

– использование основных положений теории селекционных индексов для идентификации и отбора физиолого-генетических систем, способных повысить урожай, и для элиминации средовых (модификационных) эффектов, отраженных на компонентных признаках индекса, но исчезающих при его построении;

– распознавание механизмов сдвигов точек сортов на графиках Хеймана путем анализа лимитирующих факторов, адаптивных свойств сортов и фаз онтогенеза растений (Кочерина, 2009).

В свою очередь, при проведении молекулярно-генетических исследований было установлено существование отдельных ключевых генов (локусов) хромосом (Tanksley, 1993), которые вносят вклад в формирование определенного количественного признака, хотя величина данного вклада регламентируется внешней средой. Такие генетические локусы, названные локусами количественных признаков, QTL (от англ. – Quantitative Trait Loci), представляют интерес для современного молекулярного подхода к селекции полигенных признаков растений, в том числе для маркерной помощи отбору (Tanksley, 1993; Чесноков, 2013).

Для того, чтобы получить необходимую информацию о месторасположении QTL в геноме, проводится их молекулярно-генетическое картирование, в результате которого определяется не только их локализация, но

и то, от какого родителя получен тот или иной аллель QTL, процент фенотипической изменчивости, определяемый по каждому из выявленных QTL, и, наконец, молекулярные маркеры, с которыми сцеплены идентифицированные локусы на группах сцепления. Следует отметить, что одним из важнейших требований к картированию QTL является возможность проведение обмеров и статистического анализа вариантов исследуемых признаков для установления достоверной статистической связи между QTL и тем или иным маркером (Чесноков, 2009; Кочерина и др., 2011).

Известно, что условиями определения QTL являются наличие картирующей популяции, проявляющей генетическую изменчивость по изучаемым признакам, установление групп генетического сцепления для данной популяции путем анализа уровня рекомбинации между четко выраженными молекулярными маркерами, а также возможность определения месторасположения идентифицированных QTL на группах сцепления.

Необходимо добавить, что еще одним условием, на основе которого строятся современные генетические карты, является наличие ассоциаций маркер–признак и неравновесного сцепления LD (от англ. Linkage Disequilibrium) между ними (Чесноков, 2013). LD связано с эволюционно неравным и разнородным уровнем рекомбинации специфичных аллелей в различных локусах, определяющих проявление изучаемой генетической изменчивости в популяции. Неравновесное сцепление может быть установлено статистически, оно уже широко используется для картирования и даже клонирования генов, определяющих сложные признаки у человека, животных и растений (Чесноков, Артемьева, 2011). С изменением ориентации идентификации и локализации генов (локусов) хромосом от двуродительского скрещивания к естественным популяциям линий или образцов коллекций генетических ресурсов и от традиционного QTL картирования к LD ассоциативному анализу появляется новый надежный инструмент для картирования интересующих генов. Ассоциативное картирование позволяет не только проводить анализ, классифицировать и группировать естественные и селекционные популяции (дикие виды, примитивные формы, сорта, линии), но

и более эффективно использовать их в практической селекции с целью улучшения возделываемых культур.

Построение генетических карт при помощи молекулярных маркеров и использование созданных карт для анализа ассоциаций маркер–признак являются шагами на пути реализации маркер–вспомогательной селекции. Отличительной чертой проведения генетического картирования и установления ассоциаций маркер – признак является оперирование большими объемами данных, полученных в результате экспериментальной оценки различных классов генетических маркеров и различного рода картирующих популяций. Для оперативного решения данной проблемы на сегодняшний день используются статистические методики и подходы, а также специальные программные обеспечения, предназначенные для анализа различных типов популяций и маркеров (Кочерина, Чесноков, 2016).

Без точной и статистически выверенной информации о такого рода ассоциациях и процессах построения генетических карт невозможно проведение маркер–вспомогательной селекции, которая, в свою очередь, как ожидается, будет способствовать ускорению селекционного процесса, а также созданию новых сортов с желаемыми характеристиками. К не менее значимым достижениям следует отнести активное внедрение эколого-генетических технологий ТЭГОКП растений для успешного решения генетико-селекционных задач. Использование всех полученных результатов в комплексе с другими достижениями в области точного земледелия и пр. необходимо для более эффективного информационного обеспечения процесса управления сельскохозяйственным производством.

Список литературы

1. Драгавцев В. А., Литун П. П., Шкель И. М., Нечипоренко Н. Н. Модель эколого-генетического контроля количественных признаков растений // Доклады АН СССР. 1984. Т. 274. № 3. С. 720–723.
2. Кочерина Н. В., Драгавцев В. А. Введение в теорию эколого-генетической организации полигенных признаков растений и теорию селекционных индексов. СПб.: СЦДБ, 2008. 88 с.
3. Кочерина Н. В. Алгоритмы эколого-генетического улучшения продуктивности растений: автореф. дисс. ... канд. биол. наук. М.: РГАУ–МСХА, 2009.
4. Tanksley S. D. Mapping polygenes // Annual Reviews of Genetics. 1993. Vol. 27. pp. 205–233.

5. Чесноков Ю. В. Молекулярно-генетические маркеры и их использование в предселекционных исследованиях. СПб.: АФИ, 2013. 116 с.
6. Чесноков Ю. В., Артемьева А. М. Ассоциативное картирование у растений // Сельскохозяйственная биология. 2011. № 5. С. 3–16.
7. Кочерина Н. В., Чесноков Ю. В. Программное обеспечение для генетического картирования и анализа ассоциаций маркер/признак // Овощи России. 2016. № 1(30). С. 3–9.
8. Чесноков Ю. В. Картирование локусов количественных признаков у растений. СПб., ВИР, 2009. 100 с.
9. Кочерина Н. В., Артемьева А. М., Чесноков Ю. В. Использование лод-оценки в картировании локусов количественных признаков у растений // Доклады Российской академии сельскохозяйственных наук. 2011. № 3. С. 14–17.

DOI:

ТЕХНОЛОГИЯ УТОЧНЕНИЯ МОДЕЛЬНЫХ ПРОГНОЗОВ ПРОДУКТИВНОСТИ ПУТЁМ АССИМИЛЯЦИИ ДАННЫХ ДИСТАНЦИОННОГО ЗОНДИРОВАНИЯ

С. А. Медведев

ФГБНУ «Агрофизический научно-исследовательский институт»

Разработан инструмент, позволяющий осуществлять ассимиляцию данных дистанционного зондирования моделями продукционного процесса. Этот инструмент является частью системы поливариантного расчёта APEX. Он позволяет использовать данные дистанционного зондирования для коррекции модельных расчётов.

REFINEMENT OF THE CROP MODEL FORECASTS BY THE REMOTE SENSING DATA ASSIMILATION

The tool for remote sensing data assimilation by the dynamic crop model is developed. This tool is a part of the polyvariant calculation system APEX. It allows using remote sensing data for the model forecast operative correction.

Для управления посевами в современном сельском хозяйстве могут использоваться динамические модели продукционного процесса, которые позволяют по данным о факторах жизни растений спрогнозировать поведение растения в течение всего вегетационного периода. Для уточнения модельных прогнозов требуется корректировать работу модели с помощью оперативно измеренных данных. Для этого могут использоваться методы дистанционного зондирования, которые позволяют, используя спектральные характеристики