

**Чеботар С. В.,**  
д. б. н., професор кафедри молекулярної біології, генетики  
та біохімії,

**Чеботар Г. О.,**  
к. б. н.

Одеський національний університет імені І. І. Мечникова  
(м. Одеса, Україна), s.v.chebotar@onu.edu.ua

## **РОЗГЛЯД ТЕМИ «МІКРОФЕНОТИПУВАННЯ ГЕНЕТИЧНИХ РЕСУРСІВ РОСЛИН» В КУРСІ ЛЕКЦІЙ З «ЦИТОЛОГІЇ»**

Висвітлення сучасних методів в курсі лекцій «Цитології» є необхідною передумовою навчання сучасних студентів. Окрім різних типів мікроскопії, що використовуються для дослідження структури клітин, все більш актуальними стають автоматизовані технології фенотипування, за використання яких дослідники здатні в короткі строки проаналізувати велику кількість рослинного матеріалу на рівні клітин, а також отримати кількісний вираз ознак, що необхідно для використання отриманих фенотипових даних в подальших дослідженнях з повногеномних асоціацій або тренувальних популяцій в сучасній селекції.

Мікрофенотипування – нова технологія для дослідження генетичних ресурсів рослин, запропонована та використовується для високотехнологічного скринінгу стійкості злакових культур до фітопатогенів. Ця технологія має високу пропускну здібність і дозволяє досліджувати тисячі зразків листового матеріалу на рівні клітин. Мікрофеноміка дозволяє проводити автоматичне фенотипування клітин рослин у великих масштабах використовуючи мікроскопію і проводити глибокий аналіз зображень використовуючи сучасні комп'ютерні технології (Dracatos et al., 2023). Система об'єднує апаратні засоби та програмне забезпечення, і вже широко застосовується для виявлення хвороб злаків, зокрема борошнистої роси пшениці та ячменю (Hinterberger et al., 2023).

Складовою частиною технологічної платформи в Лейбницькому інституті генетики рослин та дослідження злакових культур (м. Гатерслебен, Німеччина) з мікрофеноміки є BluVision Micro – це автоматизована високопродуктивна мікроскопічна система для визначення фенотипу на клітинному та субклітинному рівнях, яка заснована на слайд-сканері Zeiss Axio Scan.Z1, розробленому для високоякісної цифровізації мікроскопічних зразків на кількох Z-рівнях, у світлому полі та при застосуванні багатоканальної флуоресценції (<https://www.ipk-gatersleben.de/en/infrastructure/phenotyping/microphenomics>).

Мікрофенотипування відбувається за використання роботизованого мультимодального пристрою для обробки зображень – Macrobot, розробленого IPK Leibniz і Fraunhofer IFF. Макробот отримує зображення з різних зразків, наприклад, із зараженого листа, та, за допомогою програмного забезпечення, дозволяє точно та відтворено кількісно визначити відсоток зара-



женої площі листя з пропускною здатністю до 10 000 окремих зразків на день. Ці риси роблять мікрофенотипування придатним для фенотипування великих колекцій зародкової плазми та популяцій, що розмножуються.

Отримані багатовимірні зображення аналізуються автоматично за використання штучного інтелекту для виділення різних фенотипів. Отримані фенотипові дані у поєднанні з геномними дозволяють виявити нові гени, стійкості до хвороб, й, потенційно, є цікавими для фітопатологів і селекціонерів. Технологічна платформа з мікрофеноміки дозволяє визначати фенотипи, які складно визначити за допомогою ручних методів мікроскопії, зокрема дозволяє детектувати точну кількість грибкових колоній і виявляти дуже рідкісні випадки інфікування. Мікроскопічне фенотипування рослинних клітин розкриває деталі взаємодії рослин і патогенів і допомагає виявити нові механізми стійкості до хвороб. Ручна мікроскопія, яка є дуже трудомісткою, навряд чи може застосуватися при великих масштабах фенотипування потрібних дослідникам на рівні сучасного розвитку науки.

#### **Список літератури:**

1. Dracatos P. M., Lück S., Douchkov D. Diversifying resistance mechanisms in cereal crops using microphenomics // *Plant Phenomics*. 2023. Vol 5. DOI: 10.34133/plantphenomics.0023
2. Hinterberger V., Douchkov D., Lueck S., Reif J. C., Schulthess A. W. High-throughput imaging of powdery mildew resistance of the winter wheat collection hosted at the German Federal ex situ Genebank for Agricultural and Horticultural Crops // *GigaScience*. Vol. 12. 2023. giad007, <https://doi.org/10.1093/gigascience/giad007>