

# ПРИМЕНЕНИЕ МЕТОДОВ МАШИННОГО ОБУЧЕНИЯ ДЛЯ ИССЛЕДОВАНИЯ УСТОЙЧИВОСТИ РАСТЕНИЙ К СТРЕССУ И ПАТОГЕНАМ

Кононов В.А., Пакина Е.Н., Орлов Ю.Л.<sup>1</sup>

Аграрно-Технологический Институт, Российский Университет Дружбы Народов  
(РУДН), Россия, 117198, Москва, moggowind1946@gmail.com

<sup>1</sup>Первый МГМУ им. И.М.Сеченова (Сеченовский Университет), Россия, 119991,  
Москва, y.orlov@sechenov.ru

Фундаментальная проблема исследования устойчивости растений к внешнему стрессу, вызванному, в том числе, патогенами на молекулярном уровне требует применения междисциплинарных методов основанных на анализе данных секвенирования, что в свою очередь предполагает разработку специализированных компьютерных инструментов (Chen et al., 2017; Orlov et al., 2020). В данной работе представлен обзор направлений разработки компьютерных программ моделирования генных сетей растений по данным высокопроизводительного геномного секвенирования, в том числе секвенирования патогенов растений (метагеном). Необходимо создание новых электронных ресурсов биоинформатики растений, исследование структуры генома и эволюции модельных растений в плане ответа на стрессовые воздействия окружающей среды для решения агробиотехнологических задач (Wang et al., 2021). Само научное направление компьютерного моделирования стресс-устойчивости растений является междисциплинарным, находится на стыке агробиологии, компьютерных технологий, методов математического моделирования. С прикладной точки зрения понимание молекулярных механизмов ответа растений на изменение условий окружающей среды, засуху, присутствие тяжелых металлов и других элементов важно для защиты растений, в том числе зерновых культур. Такие задачи становятся особенно важными в связи с изменениями климата, повышением температуры и цикличности осадков в последние годы. Имеющиеся данные по составу микробиома растения (корни, листья, микробиом почвы) и функционального состояния позволяют применять технологии Машинного Обучения, Искусственного Интеллекта для оценки физиологического состояния модельного растения.

## Литература

1. Chen M., Harrison A., Shanahan H., Orlov Y. Biological Big Bytes: Integrative Analysis of Large Biological Datasets // *Journal of Integrative Bioinformatics* **14**, 3, 2017. p. 20170052.
2. Orlov Y.L., Ignatov A.N., Galieva E.R., Dobrovolskaya O.B. Microbiology research at the systems biology and bioinformatics - 2019 (SBB-2019) school // *BMC Microbiology*. **20**, 2, 2020. p. 348.
3. Wang J., Orlov Y.L., Li X., Zhou Y., Liu Y., Yuan C., Chen M. In situ dissecting the evolution of gene duplication with different histone modification patterns based on high-throughput data analysis in *Arabidopsis thaliana* // *PeerJ* **9**, 2021. p. e10426.