

УДК: 004.932.2:581.526

Автоматизированный анализ морфологических признаков растений в раннем онтогенезе для задач селекции на основе нейросетевой сегментации и графовых методов

Е. М. Аврахам^а, А. С. Креймер^б

Кубанский государственный аграрный университет имени И. Т. Трубилина,
Россия, 350044, г. Краснодар, ул. Калинина, д. 13

E-mail: ^а av.el3@yandex.com, ^б Kramer.a@kubsau.ru

Получено 18.09.2025, после доработки — 01.06.2026.

Принято к публикации 05.07.2026.

В работе представлен подход к реконструкции и количественному фенотипированию морфологических признаков растений в раннем онтогенезе на основе анализа цифровых изображений. Разработанный алгоритм сочетает глубокое обучение и графовые представления с учетом биологических закономерностей морфогенеза. Такой синтез позволяет перейти от бинарной сегментации к реконструкции топологически целостной структуры растения с корректным разделением пересекающихся корневых систем на снимках с несколькими растениями. На первом этапе с использованием сверточной нейронной сети архитектуры U-Net формируются бинарные маски семян, ростков и корневых систем. Полученное изображение преобразуется в графовую модель, в которой ребрам соответствуют сегменты корней и побегов, а вершинам — ключевые морфологические точки, включая ветвления и пересечения. Алгоритм направленного обхода от семенной точки с водораздельным разделением графа и композитной оценочной функцией выбора главной оси выделяет индивидуальные растения в виде изолированных подграфов и корректно различает главный корень, боковые корни и росток.

Корректность алгоритма подтверждена многоуровневой валидацией, включающей сравнение результатов графовой реконструкции на сегментированных изображениях, а также сквозную проверку полного вычислительного конвейера на исходных изображениях с результатами существующих программных решений и экспертной ручной разметки. Разработанный подход устойчив к вариативности формы корневых систем и шумам изображений, обеспечивает высокую точность извлечения морфологических признаков. Результаты исследования могут быть использованы в селекционных программах.

Ключевые слова: нейронные сети, глубокое обучение, U-Net, теория графов, фенотипирование растений, корневая система, морфологический анализ, селекция

UDC: 004.932.2:581.526

Automated morphological trait analysis of plants in early ontogeny for breeding applications using deep learning segmentation and graph-based analysis

E. M. Avraham^a, A. S. Kreimer^b

Kuban State Agrarian University named after I. T. Trubilin,
13 Kalinina st., Krasnodar, 350044, Russia

E-mail: ^a av.el3@yandex.com, ^b Kramer.a@kubsau.ru

Received 18.09.2025, after completion — 01.06.2026.

Accepted for publication 05.07.2026.

We propose an approach for the reconstruction and quantitative phenotyping of plant morphological traits at early ontogenetic stages based on digital image analysis. The proposed algorithm combines deep learning and graph-based representations while incorporating biological principles of morphogenesis. This integration enables the transition from binary segmentation to the reconstruction of a topologically consistent plant structure with accurate separation of intersecting root systems in images containing multiple plants. At the first stage, binary masks of seeds, shoots, and root systems are generated using a U-Net convolutional neural network architecture. The resulting image is transformed into a graph model in which edges correspond to root and shoot segments, while vertices represent key morphological points, including branching and intersection nodes. A directed traversal algorithm initialized from the seed point, combined with watershed-based graph partitioning and a composite scoring function for primary axis selection, identifies individual plants as isolated subgraphs and accurately distinguishes the primary root, lateral roots, and shoot. The validity of the algorithm was confirmed through a multi-level validation procedure, including comparison of graph reconstruction results on segmented images and end-to-end evaluation of the complete computational pipeline on original images against existing software solutions and expert manual annotations. The proposed approach is robust to variability in root system morphology and image noise and provides high accuracy in morphological trait extraction. The results of this study can be applied in plant breeding programs.

Keywords: neural networks, deep learning, U-Net, graph-based modeling, plant phenotyping, root architecture, morphological analysis, breeding

Citation: *Computer Research and Modeling*, 2026, vol. 18, no. 4, pp. 891–908 (Russian).

Введение

В условиях глобальных вызовов, связанных с изменением климата, ростом населения и дефицитом ресурсов, повышение эффективности сельскохозяйственного производства становится одной из ключевых задач современной биологии и агрономии. Автоматизированное фенотипирование растений как инструмент высокопроизводительной оценки морфологических и физиологических признаков приобретает все большее значение в селекционных программах, генетических исследованиях и устойчивом земледелии [Furbank, Tester, 2011]. Особую важность представляют ранние стадии онтогенеза, когда морфологические характеристики, в частности структура корневых систем и ростков, определяют способность растений к поглощению воды и питательных веществ, устойчивость к стрессам и последующую продуктивность [Tardieu et al., 2017].

Для количественной оценки морфологических признаков растений, таких как длина корней и ростков, степень разветвленности и углы ветвления корней, классически используются ручные или полуавтоматические методы. Такие методы оценки являются трудоемкими, ограниченными по масштабу и чувствительным к субъективным ошибкам. Например, [Fernandez et al., 2022] реализует автоматическое извлечение геометрии и топологии корней, включая измерение длины первичных и вторичных корней и отслеживание роста, но не осуществляет разбиения на отдельные экземпляры растений в сложных сценах с множественными семенами. Подход, описанный в статье [Ruts et al., 2013], позволяет достигать высокой точности сегментации на наборах данных с растениями в почве, однако не имеет автоматического критерия для выделения главного корня или гарантии биологической направленности роста. В работе [Zhao et al., 2022] предложена система для автоматического сбора и анализа морфологических признаков корней в естественных условиях роста, но без утверждения, что алгоритм выполняет дифференцированную сегментацию отдельных растений или автоматическое выделение главного корня. Недавний подход Swin-Unet++ для капусты [Wang et al., 2023] продемонстрировал улучшения в расчете морфометрических параметров, однако из описания не следует, что модель выполняет сегментацию отдельных экземпляров растений или учитывает направленность главного корня.

Современные подходы к автоматическому фенотипированию можно условно разделить на три группы: классические методы обработки изображений, методы глубокого обучения и графовые модели.

К первой группе относятся алгоритмы пороговой сегментации, выделения границ и морфологической фильтрации [Bradbury, 2023]. Несмотря на простоту реализации, они демонстрируют низкую устойчивость к вариациям освещения, фоновым помехам и пересечениям структур, требуют ручной настройки параметров и не обеспечивают восстановления топологической целостности объектов.

Вторая группа — методы на основе глубокого обучения, в особенности сверточные нейронные сети типа U-Net и их модификации (например, DeepLab, Mask R-CNN) — показали значительный прогресс в точности сегментации корневых систем. Так, [Zhang et al., 2020] сообщают о повышении IoU на 28 % по сравнению с классическими методами. Однако эти подходы, как правило, формируют лишь бинарные маски без учета топологии, оставляя проблему реконструкции связности, разрешения пересечений и разделения объектов между соседними растениями открытой [Das Choudhury et al., 2019]. Кроме того, для достижения приемлемого качества часто требуется многоступенчатая постобработка, включая ручную коррекцию и интерполяцию пропусков, что снижает уровень автоматизации [Wang et al., 2021].

К третьей группе относятся графовые методы, которые направлены на восстановление структурной организации корневых систем. Графовые подходы к скелетным представлениям применяются с 2010-х годов: Reeb-графы [Band et al., 2012], скелетизация с последующей трассировкой [Lobet et al., 2015], алгоритм RootGraph [Liu et al., 2013], объединяющий

скелетизацию и эвристический выбор главной оси. Системы линейки RootNav — оригинальный полуавтоматический RootNav [Pound et al., 2013] и его версия RootNav 2.0 [Yasrab et al., 2019] — и GROWMAP [Ruts et al., 2013], использующая глубокое обучение, комбинируют сегментацию и графовое представление. Однако существующие подходы либо полуавтоматические (RootNav 2.0 требует начальной разметки пользователем), либо не обеспечивают разделения нескольких растений на одном снимке (RootGraph), либо чувствительны к плотности посева и пересечениям корневых систем соседей. Кроме того, в литературе отсутствует систематическая количественная оценка вклада отдельных компонент таких алгоритмов в итоговую точность реконструкции.

Ограничения существующих решений и мотивация исследования

Таким образом, практическое использование современных методов сталкивается с рядом ограничений:

- низкая точность из-за наличия фонового шума и ветвлений, слабой контрастности тонких структур;
- высокая зависимость от параметров и необходимость ручной настройки;
- полуавтоматический характер работы, требующий участия пользователя;
- отсутствие инструментов для воспроизводимого выделения биологически достоверной структуры растения.

Эти трудности снижают воспроизводимость анализа и препятствуют широкому применению автоматизированных методов в крупных селекционных программах.

В настоящей работе мы предлагаем алгоритм автоматизированного фенотипирования, методологически объединяющий нейросетевую сегментацию (U-Net) с графовой реконструкцией, в которую явно встроены биологически мотивированные ограничения: водораздельное разделение по семенам, направленный обход с угловым штрафом и гравитропической компонентой, а также композитная оценочная функция выбора главной оси. По сравнению с известными графовыми подходами вклад работы состоит, во-первых, в полной автоматизации (без начальной разметки пользователем), во-вторых, в устойчивой работе на сценах с несколькими растениями, в-третьих, в строгом численном обосновании ключевой геометрической метрики (интегральной кривизны) и количественной оценке вклада каждой компоненты алгоритма путем покомпонентной абляции и валидации против двух независимых эталонных наборов данных.

Материалы и методы исследования

В качестве исходных данных используются цифровые фотографии, полученные в условиях стандартизированного лабораторного анализа в соответствии с требованиями ГОСТ Р 59765-2021 «Семена сельскохозяйственных растений. Методы испытания всхожести». На изображениях семена сельскохозяйственной культуры располагаются упорядоченно, строго в один ряд, на бумажной подложке белого цвета. При этом сохраняется ориентация проростков: корневая система направлена вниз, а побег — вверх. Фотографии содержат одновременно три типа объектов: семена, ростки и корневые системы. Такой формат эксперимента обеспечивает воспроизводимость условий и закладывает основу для последующего формального анализа структур.

Фотография рассматривается как дискретное двумерное отображение: $I: \Omega \subset \mathbb{Z}^2 \rightarrow \mathbb{R}^3$, где Ω — множество пикселей изображения, а $\mathbb{R}^3$ соответствует интенсивностям в пространстве цветовых каналов (RGB).

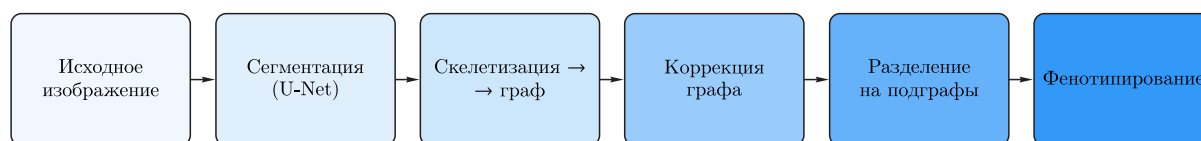


Рис. 1. Архитектура алгоритма анализа морфологии проростков. Последовательные этапы включают: получение исходного изображения; сегментацию корней с помощью сверточной нейросети (U-Net); скелетизацию и перевод в графовое представление; автоматическую коррекцию графа (удаление шумов и артефактов); разделение на подграфы, соответствующие отдельным проросткам; количественное фенотипирование (извлечение морфологических метрик: длина, кривизна, число боковых корней)

Цель анализа состоит в создании воспроизводимого алгоритма извлечения фенотипических характеристик растений из цифровых изображений, что позволяет перейти от визуальных наблюдений к формализованным количественным метрикам. Для достижения этой цели разработан комплексный вычислительный алгоритм, объединяющий методы глубокого обучения и графовой топологии (рис. 1).

Первым шагом выполняется сегментация семян, ростков и корневых систем с помощью сверточной нейронной сети архитектуры U-Net, зарекомендовавшей себя в задачах биомедицинской сегментации. На выходе сети формируется бинарная маска $M: \Omega \Rightarrow \{0, 1\}$, где $M(p) = 1$ для пикселей, принадлежащих целевым структурам (семя, корень или росток).

Сеть имеет глубину 4 (четыре ступени «свертка – пулинг» в энкодере); число фильтров — 32 на первом уровне с удвоением на каждом последующем ($32 \rightarrow 64 \rightarrow 128 \rightarrow 256$) и 512 в bottleneck-слое; декодер симметричен энкодеру; активация ReLU во всех слоях, кроме выходного, на котором используется сигмоида. Функция потерь — комбинация бинарной кросс-энтропии и дэйс-потери (BCE + Dice) с равными весами; оптимизатор — Adam ($lr = 10^{-4}$, $\beta_1 = 0,9$, $\beta_2 = 0,999$). Регуляризация: батч-нормализация после каждой свертки, дропаут $p = 0,2$ в bottleneck-слое, ранняя остановка по валидационной потере с терпением в 15 эпох.

Полученная бинарная маска подвергается скелетизации методом медиального осевого преобразования, минимизирующего толщину объектов при сохранении их топологии. Скелетное представление далее интерпретируется как граф $G = (V, E)$, где V — множество вершин (разветвления, пересечения, окончания), а E — множество ребер, соответствующих локальным траекториям структур.

В процессе скелетизации могут возникать артефактные узлы степени 4, обусловленные особенностями бинаризации и морфологической обработки изображений. Для устранения этих искажений применяется алгоритм автоматического разделения узлов на основе анализа углов между входящими ребрами. Для каждого узла $v \in V$, такого, что $\deg(v) = 4$, вычисляются векторы направлений к соседним вершинам u_1, u_2, v_1, v_2 :

$$\vec{d} = \text{pos}(u_i) - \text{pos}(v), \quad u_i \in N(v).$$

Четыре ребра разбиваются на две пары, каждая пара трактуется как сквозной путь через узел, а ее отклонение от прямой (180°) — как мера излома. Для каждого разбиения берется максимальное из двух отклонений и выбирается разбиение, в котором это максимальное отклонение минимально. Полученную величину обозначим как $\min_{\text{dev}}(v)$. Если $\min_{\text{dev}}(v) \leq \Delta_{\text{max}} = 45^\circ$, узел интерпретируется как геометрическое пересечение двух независимых путей, а не как точка ветвления. В этом случае узел v удаляется вместе с инцидентными ребрами, а соседи, образующие выбранные пары, соединяются новыми ребрами:

$$G' = (V \setminus \{v\}, (E \setminus \{(v, w): w \in N(v)\}) \cup \{(u_1, u_2), (v_1, v_2)\}).$$

Порог $\Delta_{\max} = 45^\circ$ выбирается на основании эмпирического анализа распределения величины $\min_{\text{dev}}$ по всем узлам степени 4 и равен моде распределения. При этом 27 % узлов имеют $\min_{\text{dev}} > 45^\circ$, что характерно для истинных точек ветвления с выраженной извилистостью. Среднее значение $\min_{\text{dev}}$ составляет $42,1^\circ$ и указывает на левостороннюю асимметрию распределения (длинный левый хвост с малыми углами отклонения). Анализ чувствительности подтвердил устойчивость алгоритма к вариации порога в диапазоне $\Delta_{\max} \in [35^\circ, 55^\circ]$. Размах средней длины главной оси не превышает 0,1 px, размах средней извилистости составляет 0,001. Можем сделать вывод о том, что выбор $\Delta_{\max}$ не влияет на конечные метрики реконструкции в разумной окрестности 45° . Данный подход восстанавливает биологически достоверную топологию, разделяя физически независимые корневые системы, лежащие рядом.

Каждое семя рассматривается в качестве источника собственной корневой и надземной системы. Для построения индивидуальных подграфов $\{G_i\}_{i=1}^N$, соответствующих отдельным растениям, был реализован ориентированный обход исходного графа $G = (V, E)$. Для каждого семени s_i с координатами центра (c_x, c_y) выбирается ближайший узел $v_0 \in V$:

$$v_0 = \arg \min_{v \in V} \|\text{pos}(v) - (c_x, c_y)\|_2.$$

Этот узел интерпретируется как начало траектории роста. Рассматриваются все листья $v_l \in V$, такие, что $\deg(v_l) = 1$ и $\text{pos}_y(v_l) \geq \text{pos}_y(v_0)$, то есть находящиеся ниже начальной точки по вертикали. Для каждой пары (v_0, v_l) вычислялся кратчайший путь $P(v_0, v_l) = \{v_0, v_1, \dots, v_l\}$ с помощью алгоритма Дейкстры с явной весовой функцией ребра, учитывающей биологические ограничения роста. Вес ребра (u, v) задается выражением

$$w(u, v) = \alpha \cdot l(u, v) \cdot (1 + \beta \cdot \sin^2 \theta_{uv}) \cdot (1 + \gamma \cdot \mathbb{1}_{\Delta y < 0}),$$

где $l(u, v)$ — евклидова длина ребра, θ_{uv} — угол между текущим ребром и направлением предыдущего ребра пути (угловой штраф за резкие повороты), $\mathbb{1}_{\Delta y < 0}$ — индикатор шага вверх (антигравитропный штраф), $\alpha = 1,0$, $\beta = 0,5$, $\gamma = 0,3$ — весовые коэффициенты. Коэффициент α задает общий масштаб веса и не влияет на выбор кратчайшего пути. Свободные коэффициенты β и γ подобраны на валидационной выборке. Критерий минимальной интегральной кривизны $K(P)$ при этом не входит в весовую функцию Дейкстры — он применяется к уже построенным путям в композитной оценочной функции выбора главной оси, описанной ниже. Пути фильтруются по правилу направленного роста: разрешается не более $\Delta_{\text{up}} = 2$ локальных шагов вверх, конечная точка не может располагаться выше начальной, $\text{pos}_y(v_l) \geq \text{pos}_y(v_0)$. Формально:

$$\sum_{k=0}^{|P|-1} \mathbb{1}\{\text{pos}_y(v_{k+1}) < \text{pos}_y(v_k)\} \leq \Delta_{\text{up}}.$$

Для каждого допустимого пути вычисляется длина:

$$L(P) = \sum_{(u,v) \in P} l(u, v),$$

где $l(u, v)$ — длина ребра по евклидовой метрике. Пути сортируются по убыванию длины, что позволяет выделить ведущие оси корневой системы.

Для корректного отнесения боковых ветвей к соответствующему семени используется количественная оценка изогнутости траектории на основе интеграла полной (абсолютной) кривизны. Каждый сегмент корневой системы или побега моделируется как гладкая параметрическая кривая $r(t) = (x(t), y(t))$, $t \in [0, T]$, аппроксимированная кубическим сплайном по координатам

пикселей скелета. Такой подход обеспечивает устойчивость к шуму и позволяет точно оценивать локальную геометрию пути. Кривизна вычисляется по формуле

$$\kappa(t) = \frac{x'(t)y''(t) - y'(t)x''(t)}{(x'(t)^2 + y'(t)^2)^{3/2}}.$$

Степень изогнутости корня оценивается через интеграл модуля кривизны по длине дуги s :

$$K(P) = \int_0^L |\kappa(s)| ds = \int_0^T |\kappa(t)| \cdot \|r'(t)\| dt,$$

где s — длина дуги, $ds = \|r'(t)\| dt$, а $L = \int_0^T \|r'(t)\| dt$ — полная длина кривой. При выборе главной оси мы опираемся на композитную оценочную функцию, учитывающую длину пути, его прямолинейность и пространственную ориентацию относительно семени:

$$S(P) = \alpha L(P) - \beta K(P) - \gamma \cdot \frac{|x_{\text{end}} - x_{\text{seed}}|}{D(P)} - \delta \cdot \frac{1}{D(P)},$$

где $D(P) = \|p_{\text{end}} - p_{\text{seed}}\|$ — евклидово расстояние от семени до конечной точки; $\alpha = 1,0$, $\beta = 50,0$ — баланс длины и кривизны; $\gamma = 2,0$ — штраф за горизонтальное отклонение от вертикальной оси; $\delta = 1,5$ — штраф за малую глубину. Главной осью объявляется путь $P^* = \arg \max_P S(P)$. Такая формулировка реализует биологически обоснованный компромисс: главная ось одновременно длинная, прямая, направленная вертикально вниз и глубоко проникающая.

Прямое применение этого определения к пиксельному скелету сталкивается с фундаментальной численной проблемой: двойное дифференцирование дискретных пиксельных координат усиливает квантования шум до уровня, превышающего сам сигнал кривизны. Изложим строгую численную схему, обеспечивающую устойчивость вычисления $K(P)$. Пиксельный скелет $\{p_i = (x_i, y_i)\}_{i=0}^{n-1} \subset \mathbb{Z}^2$, полученный медиальным осевым преобразованием, рассматривается как зашумленная дискретизация неизвестной гладкой кривой $\gamma: [0, 1] \rightarrow \mathbb{R}^2$ класса C^2 :

$$p_i = \gamma(u_i) + \varepsilon_i, \quad \|\varepsilon_i\|_2 \leq \frac{\sqrt{2}}{2} \approx 0,71 \text{ px},$$

где ε_i — ошибка квантизации (евклидово расстояние от точки гладкой кривой до ближайшего узла пиксельной сетки). Центральные конечные разности второго порядка, примененные непосредственно к пиксельному пути,

$$\ddot{p}_i \approx \frac{p_{i+1} - 2p_i + p_{i-1}}{h^2}, \quad h = u_{i+1} - u_i,$$

дают для второй производной погрешность $O\left(\frac{\|\varepsilon\|}{h^2}\right)$. При пиксельной квантизации ($\|\varepsilon\| = O(1)$, $h = O(1)$) шумовой вклад в $\ddot{\gamma}$ оказывается соизмеримым с самим сигналом, что приводит к ошибке кривизны $\kappa = \frac{\dot{x}\ddot{y} - \dot{y}\ddot{x}}{(x^2 + y^2)^{3/2}}$.

Подавление шумовой компоненты ε_i до вычисления производных выполняется аппроксимацией пиксельного пути параметрическим В-сплайном степени $k = 3$:

$$\widehat{\gamma}(u) = \sum_{j=0}^{m-1} c_j B_{j,3}(u; \tau),$$

где $\{B_{j,3}(u; \tau)\}$ — кубические В-сплайн-базисы на узловом векторе $\tau = (\tau_0, \dots, \tau_{m+3})$, определяемые рекурсией Кокса – де Бура:

$$B_{j,0}(u) = \begin{cases} 1, & \tau_j \leq u < \tau_{j+1}, \\ 0, & \text{если иначе,} \end{cases}$$

$$B_{j,k}(u) = \frac{u - \tau_j}{\tau_{j+k} - \tau_j} B_{j,k-1}(u) + \frac{\tau_{j+k+1} - u}{\tau_{j+k+1} - \tau_{j+1}} B_{j+1,k-1}(u).$$

Вектор контрольных коэффициентов $\{c_j\} \subset \mathbb{R}^2$ определяется как решение задачи условной минимизации Райнша – Дикса [Reinsch, 1967; Dierckx, 1993]:

$$\min_{\widehat{\gamma}} \int_0^1 \|\widehat{\gamma}''(u)\|^2 du \quad \text{при условии} \quad \sum_{i=0}^{n-1} \|\widehat{\gamma}(u_i) - p_i\|^2 \leq s.$$

При $s = 0$ сплайн интерполирует все точки, при $s \rightarrow \infty$ — вырождается в наименее квадратичное приближение прямой. Мы выбираем $s = \max(2, \frac{n}{3})$, что соответствует среднему остатку $\sqrt{\frac{s}{n}} \approx 0,58$ пх на точку — величине, сопоставимой с амплитудой ошибки квантизации $\|\varepsilon_i\|$. Тем самым сплайн сглаживает статистический шум, но не отклоняется от данных существенно сильнее, чем сама пиксельная разметка.

Для истинной кривой $\gamma \in C^4$ классическая теория сплайн-аппроксимации [de Boor, 1978, гл. XII] дает оценку погрешности:

$$\|\widehat{\gamma}'' - \gamma''\|_\infty \leq C_1 h^2 \|\gamma^{(4)}\|_\infty + C_2 \frac{\eta(s, n, \varepsilon)}{h^2},$$

где первое слагаемое — погрешность сплайн-аппроксимации гладкой функции ($O(h^2)$), второе слагаемое характеризует вклад случайной ошибки измерений после применения процедуры сглаживания (величина η зависит от параметра s , числа точек n и уровня шума ε и убывает с ростом s и n). Для нашей схемы ($h = 1$ пх, $s = \frac{n}{3}$, $\|\varepsilon\| \sim 0,7$ пх) оба слагаемых имеют порядок единицы.

Интеграл $K(P) = \int_0^L |\kappa(s)| ds$ затем вычисляется по правилу трапеций с точностью $O(h^2)$ на сетке параметра длины дуги $s_i = \sum_{j < i} \|\widehat{\gamma}(u_{j+1}) - \widehat{\gamma}(u_j)\|$.

Таблица 1. Медианная относительная ошибка $K(P)$ по четырем кривым с $K_{\text{ист}} > 0,5$

σ , пх	Без сглаживания	В-сплайн
0,0	3057,5 %	5,15 %
0,1	3536,3 %	2,61 %
0,2	5527,0 %	36,42 %
0,3	8973,5 %	1670,1 %
0,5	20 532,3 %	25 502,2 %

На рис. 2 представлены результаты стресс-теста схемы, примененного к пяти эталонным формам с известным аналитическим значением $K_{\text{ист}}$: прямая, четверть окружности ($R = 150$ пх), полуокружность ($R = 100$ пх), синусоида, логарифмическая спираль. Каждая форма растеризовывалась в пиксельный скелет с дополнительным субпиксельным дрожанием $\sigma \in \{0; 0,1; 0,2; 0,3; 0,5\}$ пх ($n = 30$ повторов на конфигурацию). На рис. 2, а, б изображена работа В-сплайнового сглаживания на четверти окружности и логарифмической спирали соответственно. Для типичного уровня артефактов U-Net-сегментации ($\sigma \leq 0,2$ пх) сглаженная оценка отклоняется от $K_{\text{ист}}$ на единицы-десятки процентов, в то время как прямое дифференцирование дает

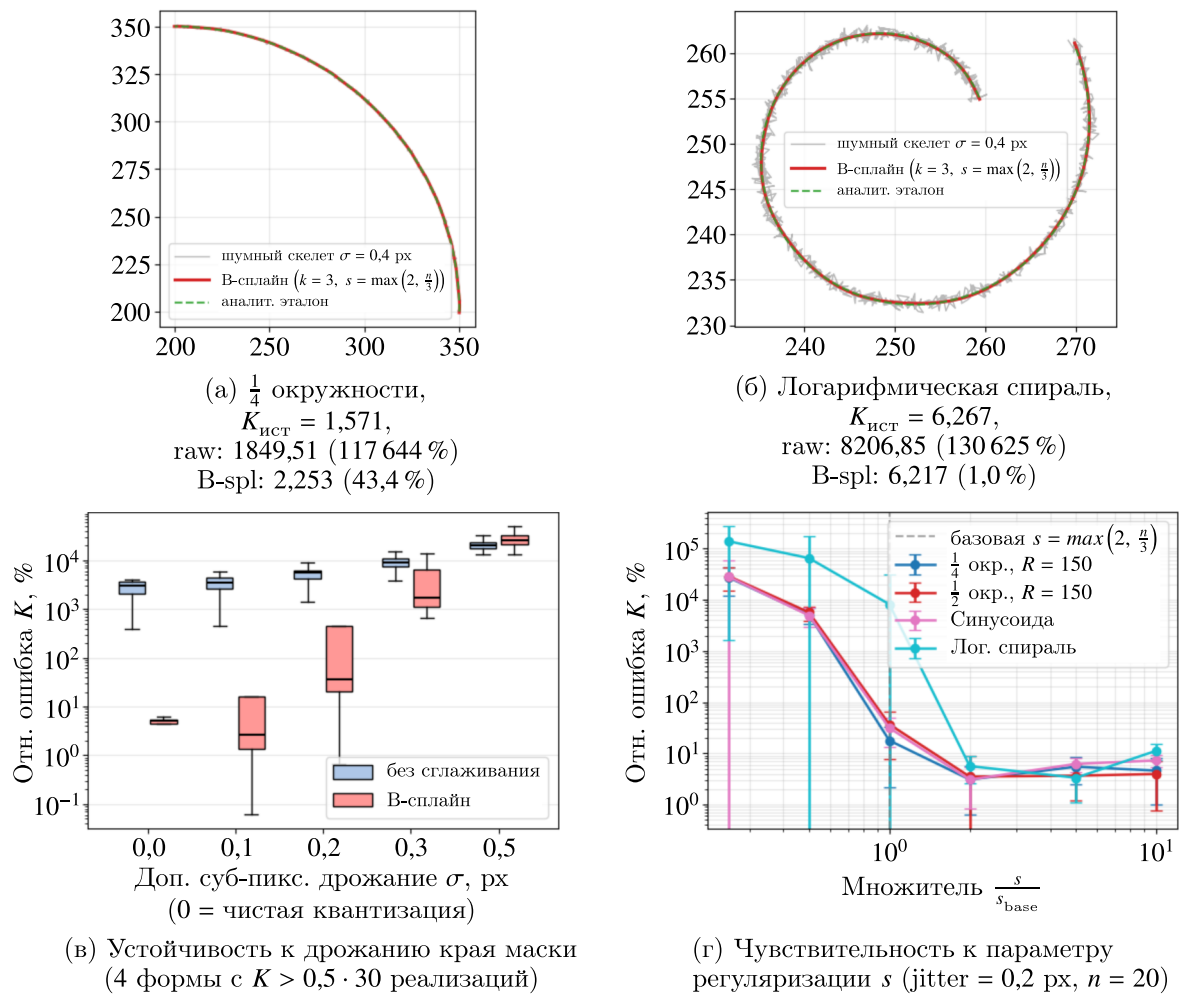


Рис. 2. Численная валидация метода оценки интегральной кривизны: а, б) В-сплайновая аппроксимация четверти окружности и логарифмической спирали при наличии субпиксельного шума $\sigma = 0,3$ px; в) распределение относительной ошибки для четырех тестовых кривых при пяти уровнях шума ($n = 30$ реализаций на конфигурацию); г) зависимость относительной ошибки от параметра регуляризации s

ошибки в тысячи процентов. Панель (в) показывает чувствительность ошибки к уровню субпиксельного дрожания. Панель (г) демонстрирует чувствительность к параметру регуляризации s . Дополнительный контроль на форме «прямая» ($K_{\text{ист}} = 0$) показал, что при чистой квантизации и при $\sigma = 0,1$ px $|K|_{\text{smoothed}} < 10^{-4}$. Это подтверждает теоретический результат о невырожденности схемы на прямых сегментах.

Для каждого подграфа G_i , соответствующего i -му растению, выполняется идентификация морфологических компонентов: главного корня, боковых корней и побега. Длина каждой структуры определяется как сумма евклидовых длин ребер вдоль ее траектории

$$L = \sum_{e \in P} l(e),$$

где P — путь в графе, соответствующий отдельной структуре (например, главному корню или боковому ответвлению), а $l(e)$ обозначает длину ребра e , пересчитанную в миллиметры с учетом пространственной калибровки. Такой подход позволяет не только измерить длину каждого корня и ростка по отдельности, но и сохранить их топологическую связность и принадлежность конкретному семени. Полученные данные формируют детализированный фенотипический профиль,

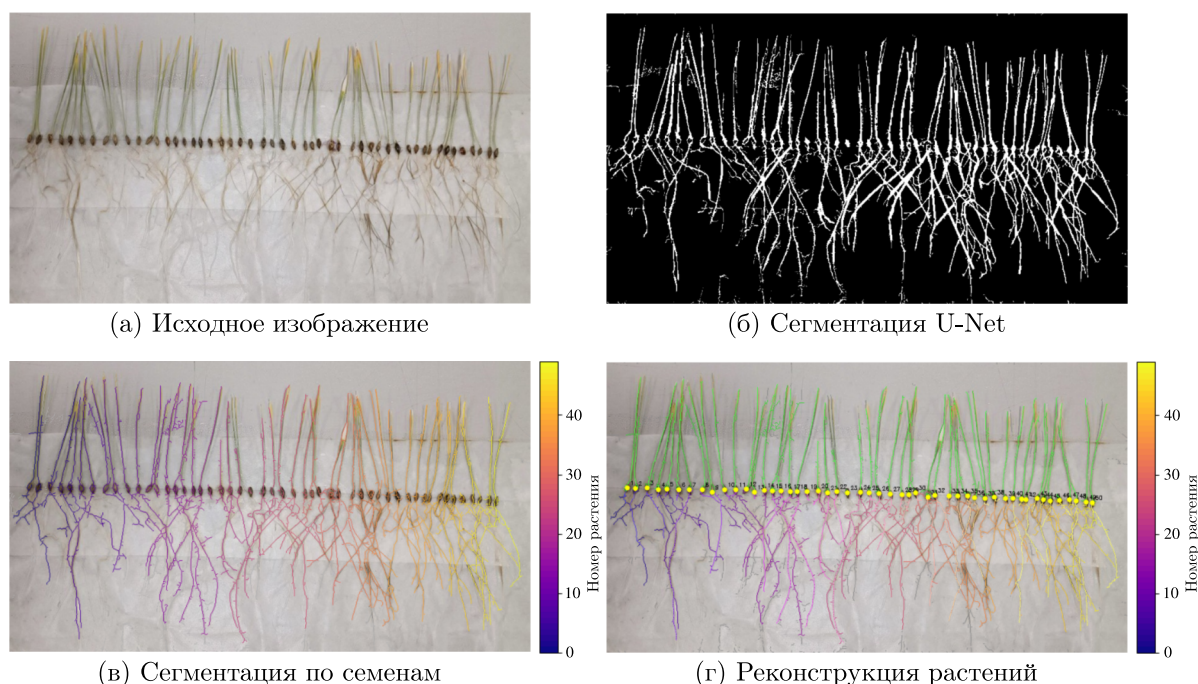


Рис. 3. Пример обработки изображения: а) исходное изображение растений; б) бинарная маска после сегментации U-Net; в) сегментация по семенам; г) реконструированная топология растений

включающий как метрические характеристики (длина, ориентация), так и структурные признаки (число ветвлений, конфигурация системы). В качестве иллюстрации предлагаемого алгоритма на рис. 3 показан полный цикл обработки изображения: переход от исходного изображения растений к бинарной маске после сегментации U-Net, далее — к водораздельной сегментации по семенам и, наконец, к реконструированной топологии растений.

Для количественной оценки вклада отдельных компонент алгоритма проведено покомпонентное абляционное исследование на собственном наборе данных, включающем 200 снимков (по 50 семян на каждом). Метрики получены методом 5-кратной кросс-валидации на собственном наборе данных, доверительные интервалы — bootstrap (1000 итераций). Рассмотрены семь последовательно усложняющихся конфигураций. Базовая конфигурация C1 использует скелетизированное представление изображения и алгоритм Дейкстры без дополнительных модификаций. В конфигурации C2 дополнительно выполняется разделение узлов степени 4 на основе углового критерия. Конфигурация C3 включает водораздельное разделение графа на структуры, соответствующие отдельным растениям. В конфигурации C4 вводится ограничение направления роста. В конфигурации C5 весовая функция ребер дополняется угловым штрафом. В конфигурации C6 дополнительно учитывается гравитропический штраф. Полная конфигурация C7 использует композитную оценочную функцию $S(P)$ для выбора главной оси растения.

Наибольший вклад в повышение качества реконструкции вносит водораздельное разделение графа (переход от конфигурации C2 к C3) (табл. 2): средняя длина главной оси сокращается с 416 до 107 px, средняя извилистость — с 2,20 до 1,26, а число ошибочно отнесенных боковых корней — с 91 до 4,3. Это связано с тем, что в сложных сценах, содержащих несколько растений, поиск пути на основе одного лишь алгоритма Дейкстры может приводить к включению в главную ось фрагментов корневых систем соседних растений. Водораздельное разделение устраняет данную проблему, ограничивая поиск связным подграфом, соответствующим отдельному растению. Компоненты C4–C6 демонстрируют близкие значения метрик, различающиеся лишь в пределах статистической погрешности. Это не свидетельствует об отсутствии

Таблица 2. Метрики (с 95%-м доверительными интервалами bootstrap, 1000 итераций)

Конфигурация	Recall	L_{main} , px [95 % CI]	wiggle	n_{lat}
C1: голый скелет	1,00	462[416, 504]	2,11	123,9
C2: + split deg = 4	1,00	416[359, 465]	2,20	91,1
C3: + watershed	0,98	107[82, 135]	1,26	4,3
C4: + направленность	0,98	107[80, 135]	1,24	3,6
C5: + угловой штраф	0,98	107[80, 135]	1,24	3,6
C6: + гравитропизм	0,98	107[80, 135]	1,24	3,6
C7: + композитный скор	0,98	107[80, 135]	1,23	3,6

их вклада, а отражает структурные особенности исследуемой выборки. После водораздельного разделения графа в конфигурации C3 пространство поиска главной оси уже ограничено подграфом отдельного растения, в котором геометрия корневой системы естественным образом задает преимущественно нисходящее направление роста. В этих условиях ограничение направления роста, угловой штраф и антигравитропический штраф реализуют различные формы одной и той же априорной биологической информации, связанной с ориентацией роста относительно вертикальной оси. Поэтому на типичных изображениях, где семена расположены в верхней части кадра, а корни развиваются преимущественно вниз под действием гравитации, указанные механизмы действуют согласованно и приводят к близким результатам реконструкции.

Результаты и обсуждение

Наш набор данных состоял из 200 фотографий, на каждой из которых представлено 50 проростков пшеницы, выращенных в лабораторных условиях. Этот набор данных разделили на тренировочную, валидационную и тестовую выборки в пропорции 70 %–15 %–15 %. Аугментация включала случайные повороты ($\pm 15^\circ$), горизонтальное и вертикальное отражение, изменение яркости и контраста ($\pm 20\%$).

Качество сегментации оценено на тестовой выборке (не использовавшейся для обучения): IoU = 0,789 [95 % ДИ 0,750–0,821], Dice = 0,881 [0,855–0,902], Precision = 0,873 [0,860–0,886], Recall = 0,890 [0,879–0,901], Accuracy = 0,994 [0,991–0,996], Hausdorff95 = 6,5 px [1,1–8,0], ASSD = 1,0 px [0,4–2,1]. Достигнутый уровень (IoU = 0,789, Dice = 0,881) находится в верхней части типичного для задачи диапазона U-Net-сегментации корневых систем и подтверждает адекватность выбранной архитектуры: он превосходит mIoU $\approx 0,66$ RootNav 2.0 [Yasrab et al., 2019] и сопоставим с верхней частью диапазона GROWMAP (Dice $\approx 0,81$ –0,89) [Ruts et al., 2013].

Анализируя результаты расчетов, проведенных с использованием нашего подхода (рис. 4), можно заметить, что высокая плотность траекторий, образуемых корневыми системами, сосредоточена в области средней длины (50–150 пикселей) и низкой извилистости ($\approx 1,0$ –1,5). Автоматически выбранный главный корень (выделенный кругом) находится в области максимальной плотности KDE, тогда как другие пути — даже более длинные — лежат в хвостах распределения с повышенной и высокой извилистостью. Агрегированная KDE-карта по всем растениям набора данных ($\approx 10\,000$ проростков) представлена на рис. 4, б. Она иллюстрирует глобальное распределение морфотипов в пространстве «длина пути – извилистость». Такая картина согласуется с представлением о гравитропизме: главным критерием выступает минимизация отклонения от оси роста, обеспечивающая эффективное проникновение вглубь почвы при минимальных структурных изменениях. Извилистость определяется как отношение фактической длины корневого пути к евклидову расстоянию между его началом и концом $\frac{L_{\text{path}}}{\|p_{\text{end}} - p_{\text{start}}\|}$, где L_{path} — фактическая длина траектории, $\|p_{\text{end}} - p_{\text{start}}\|$ — евклидово расстояние.

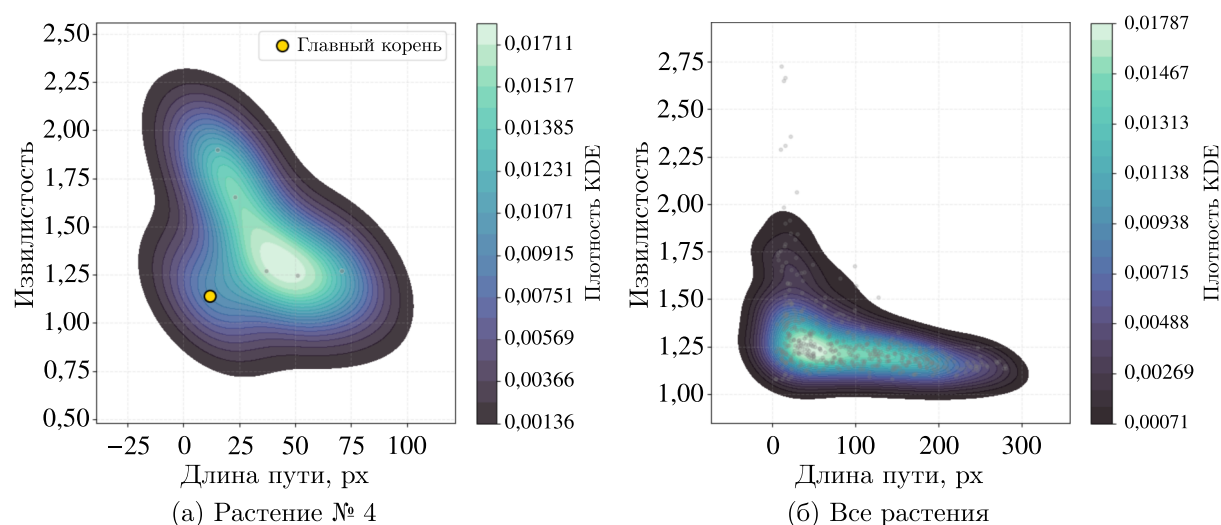


Рис. 4. Распределение морфологических характеристик корневых траекторий. (а) Карта плотности распределения путей корневой системы отдельного проростка (пример: зерно № 4) в пространстве признаков «длина пути – извилистость». Светлые области соответствуют высокой концентрации траекторий с близкими значениями признаков, темные области – низкой концентрации. Кругом отмечен главный корень. (б) Обобщенная карта плотности распределения путей корневой системы, построенная по всем растениям

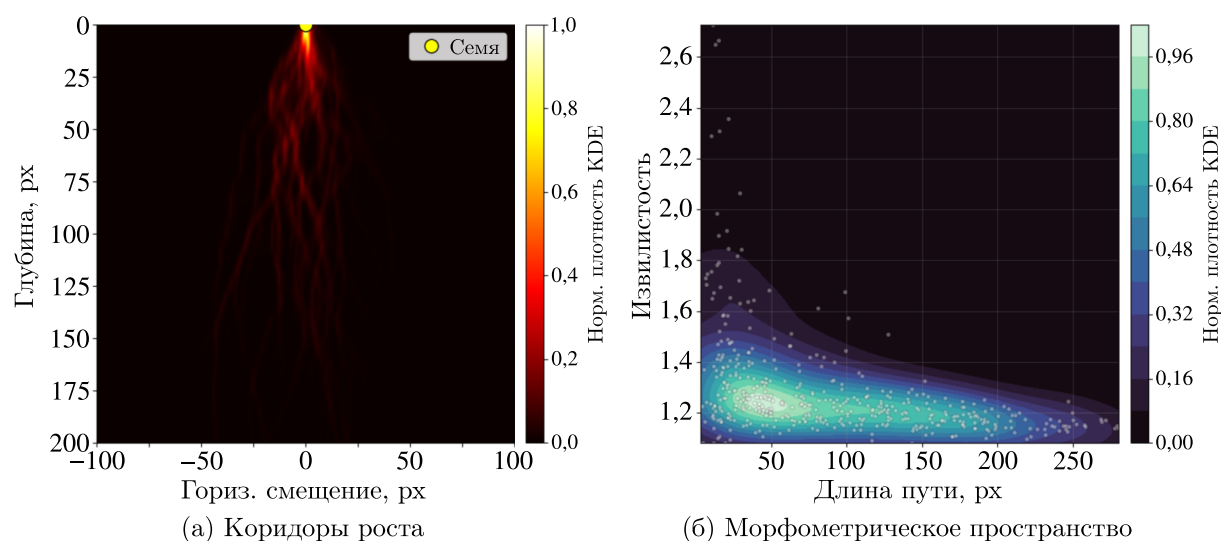


Рис. 5. (а) Пространственная тепловая карта, отражающая совокупное распределение траекторий корней, нормированных относительно точки прорастания (желтая метка). Наиболее интенсивные зоны указывают на вероятные «коридоры роста», характерные для исследованных растений. (б) Морфометрическое пространство, построенное по длине и извилистости главных корней

Распределение корней по извилистости имеет следующие характеристики: 87 % корней концентрируются в узком центральном кластере с извилистостью $\leq 1,5$, что соответствует биологически оптимальному компромиссу между эффективностью поглощения ресурсов и механической устойчивостью. Корни с извилистостью $> 1,5$ (13 % от общего числа), включая 3 % с аномально высокой извилистостью ($> 1,8$), лежат в тяжелом хвосте распределения. Эти траектории, как правило, соответствуют боковым ответвлениям или нетипичным формам роста и не выбираются алгоритмом в качестве главных. Данное наблюдение согласуется с литературными данными, согласно которым формирование вторичных корней может быть связано с локальными

механическими препятствиями и градиентами влажности среды [Bao et al., 2014]. Эти данные свидетельствуют о том, что архитектура корневой системы в раннем онтогенезе формируется не случайным образом, а в соответствии с оптимизационными принципами, направленными на максимизацию эффективности поглощения ресурсов при одновременной минимизации избыточной извилистости. Такой паттерн роста согласуется с действием фундаментальных биологических механизмов — гравитропизма и механосенсорной регуляции, которые эволюционно обеспечили растениям способность эффективно приспосабливаться к пространственной неоднородности почвенной среды.

Верификация графовой части алгоритма на RootNav 2.0 wheat test

Для проверки корректности графовой части алгоритма использован общедоступный датасет RootNav 2.0 wheat test [Yasrab et al., 2019, gigadb.org/dataset/100651, CC-BY 4.0], содержащий 40 изображений пшеницы с эталонной разметкой в формате RSML. Бинарная маска подавалась на вход графового алгоритма напрямую — реконструкцией полилиний из RSML-аннотации. Такая постановка изолирует ошибки графовой реконструкции от ошибок сегментации и позволяет верифицировать алгоритм на эталонной сегментации.

Предложенный метод реконструкции воспроизводит эталонную разметку с медианной относительной ошибкой определения длины главной оси менее 1 %. Хаусдорфово расстояние не превышает 3,4 px на уровне 95-го перцентиля, что меньше толщины линии на бинарной маске (6 px), то есть восстановленная траектория на всем протяжении остается в пределах соответствующей корневой структуры. Наш алгоритм превзошел заявленные показатели RootNav 2.0 ($r^2 \approx 0,93$ для длины главной оси и $r^2 \approx 0,95$ для суммарной длины корневой системы) (табл. 3).

Таблица 3. Верификация графовой части алгоритма на данных RootNav 2.0 wheat test и сравнение с результатами расчета RootNav 2.0 по данным [Yasrab et al., 2019]

Признак	Метрика	Значение	RootNav 2.0
Длина главной оси	r^2	0,998	$r^2 \approx 0,93$
	MAE, px	15,7	
	медиана rel , %	0,94	
Суммарная длина системы	r^2	0,999	$r^2 \approx 0,95$
	MAE, px	15,5	
Число боковых корней	Пирсон r	0,981	—
	MAE счета	0,53	
Топология/ориентация	Hausdorff (медиана), px	3,0	—
	Hausdorff (95-перцентиль), px	3,4	
	Ошибка ориентации (медиана)	0,0°	

Качественная и количественная картина воспроизведения экспертной разметки приведена на рис. 6. Верхний ряд иллюстрирует работу алгоритма на трех характерных изображениях возрастающей анатомической сложности — от простого случая с 2–3 боковыми (а) через типичный (б) к сложному случаю с 9 боковыми корнями (в). Во всех трех случаях (рис. 6, а, б, в) предсказанная главная ось (красный пунктир) практически совпадает с эталонной траекторией из RSML-разметки (зеленая сплошная) — медианное двунаправленное хаусдорфово расстояние не превышает 3,0 px, что меньше толщины линии рендера маски (6 px). Боковые корни (зеленые тонкие линии для эталона, светло-розовые для предсказания) восстанавливаются с количественной точностью даже на самом сложном изображении (рис. 6, в). Рисунок 6, г, д, е представляет результаты по всему набору данных: диаграммы рассеяния длины главной оси (г) и суммарной длины корневой системы (д) демонстрируют практически идеальное совпадение точек с линией $y = x$ ($r^2 = 0,998$ и $0,999$ соответственно). Сравнение результатов работы нашего алгоритма

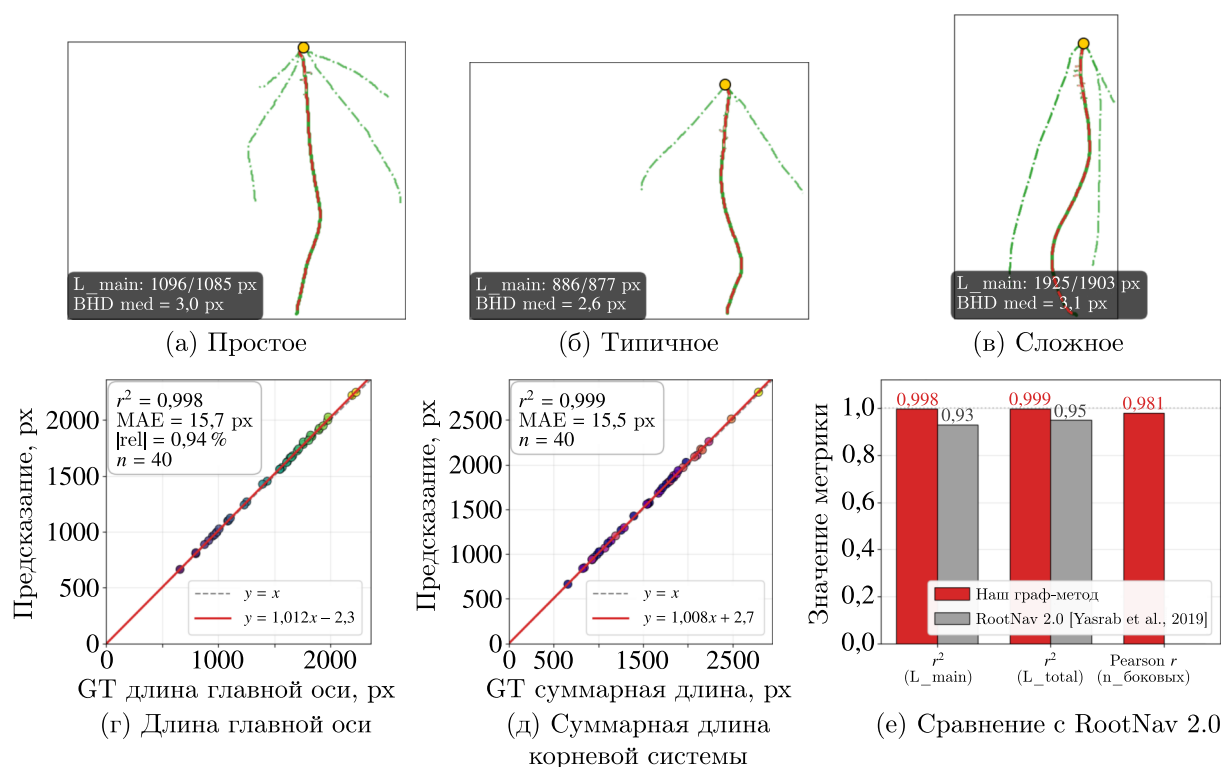


Рис. 6. Валидация метода реконструкции на наборе данных RootNav 2.0 Wheat Test ($n = 40$ изображений, 40 растений): (а–в) примеры реконструкции корневых систем различной топологической сложности с наложением эталонной разметки и результатов алгоритма; (г) сопоставление предсказанной и эталонной длины главной оси; (д) сопоставление предсказанной и эталонной суммарной длины корневой системы; (е) сравнение основных метрик качества с опубликованными результатами RootNav 2.0. Значения длины главной оси и медианного двунаправленного расстояния Хаусдорфа приведены на панелях (а–в)

(рис. 6, е) с показателями оригинального RootNav 2.0 [Yasrab et al., 2019] выявляет устойчивое превосходство нашего алгоритма по обоим геометрическим метрикам ($r^2 = 0,998$ и $r^2 = 0,999$ против $r^2 \approx 0,93$ и $r^2 \approx 0,95$).

Комплексная валидация алгоритма: сравнение с RootGraph

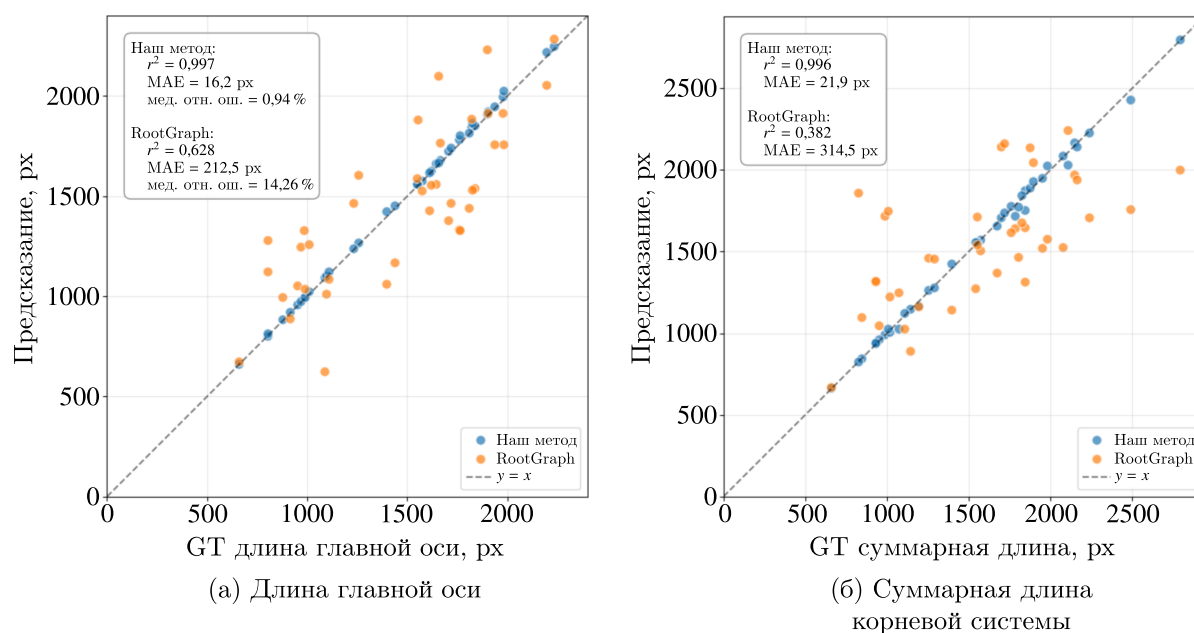
Оценка точности полного алгоритмического конвейера выполнялась в рамках сквозной валидации и сопоставления с результатами, полученными при помощи программного пакета RootGraph [Liu et al., 2013]. Оба подхода — наш и реализованный в RootGraph — применялись к исходным (несегментированным) изображениям набора данных RootNav 2.0 wheat test. В этом сценарии каждый из методов самостоятельно выполняет весь цикл обработки: от пиксельного представления снимка до количественных морфометрических характеристик, что соответствует реальным условиям применения.

Преимущество нашего метода устойчиво по всем метрикам и наиболее выражено в подсчете боковых корней, где RootGraph показывает антикорреляцию ($r = -0,125$). Это согласуется с тем, что RootGraph не использует семейства семян для разделения и в плотных композициях слипает соседние корневые системы. Hausdorff и ошибка ориентации для RootGraph не вычислялись, так как программа не экспортирует полилинии скелета в форме, допускающей геометрическое сравнение.

Визуальное сопоставление двух алгоритмов приведено на рис. 7. На обеих панелях — длина главной оси (а) и суммарная длина корневой системы (б) — каждая точка соответствует

Таблица 4. Сопоставление полного алгоритмического конвейера с результатами, полученными при помощи программного пакета RootGraph

Метрика	Наш метод ($n = 40$)	RootGraph ($n = 40$)
r^2 длины главной оси	0,997	0,628
MAE длины главной оси, px	16,2	212,5
медианная отн. ошибка, %	0,94 %	14,26 %
r^2 суммарной длины	0,996	0,382
MAE суммарной длины, px	21,9	314,5
r Пирсона числа боковых	0,98	-0,125
MAE счета боковых	0,53	47,17

Рис. 7. Комплексная валидация алгоритма: сравнение с RootGraph test ($n = 40$ изображений, 40 растений). (а) Длина главной оси; (б) суммарная длина корневой системы

одному растению: по оси абсцисс отложено эталонное значение, по оси ординат — предсказание. Точки нашего метода (синие) плотно группируются вдоль линии идеального совпадения $y = x$, тогда как точки RootGraph (оранжевые) демонстрируют значительный разброс и систематическое занижение длин на крупных корневых системах. Это визуально подтверждает количественное превосходство, зафиксированное в табл. 4 ($r^2 = 0,997$ против $r^2 = 0,628$ по длине главной оси).

Комплексная валидация: сравнение с реальными биологическими измерениями

Дополнительно была проведена валидация полного алгоритмического конвейера на наборе данных TILLMore-CDC [TILLMore-CDC, 2026], содержащем экспертную ручную разметку. Набор данных состоит из 11 снимков (24 растения, до 3 растений на снимок). К каждой фотографии последовательно применялись все стадии вычислительного конвейера, полученные количественные характеристики сравнивались с ручными измерениями экспертов. Результаты приведены в табл. 5.

Таблица 5. Комплексная валидация полного вычислительного конвейера против экспертной ручной разметки на наборе данных TILLMore-CDC (подмножество test2): $n = 11$ снимков, 24 размеченных растения, multi-plant снимков 8/11

Признак	Метрика	Значение
Полнота обнаружения растений	Plant-level recall	1,000 (24/24)
Длина главной оси	r^2	0,967
	MAE, px	105,6
	медианная отн. ошибка, %	5,29
Суммарная длина корневой системы	r^2	0,952
	MAE, px	495,2
	медианная отн. ошибка, %	8,84
Число боковых корней	Пирсон r	0,989
	MAE счета	1,09

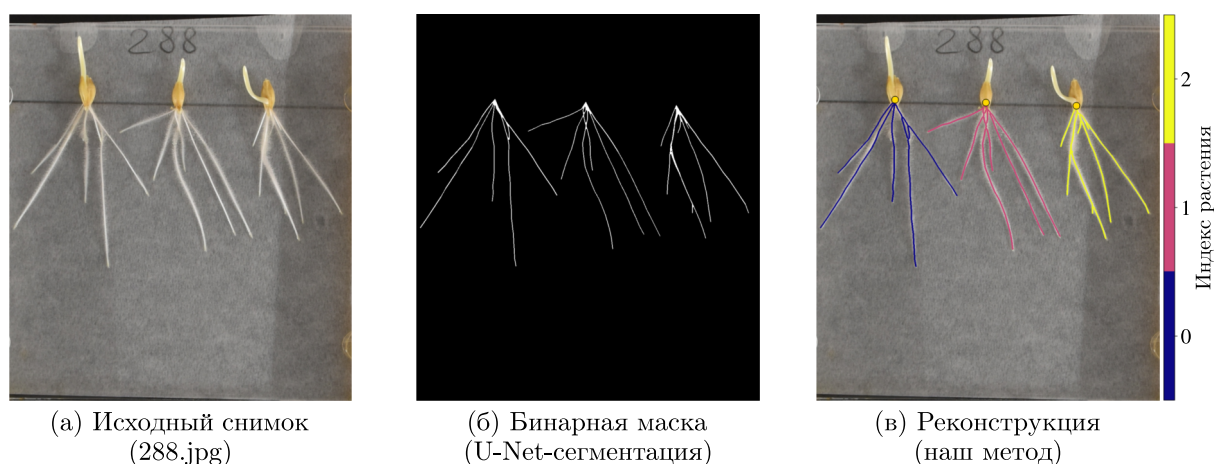


Рис. 8. Качественный пример сквозной обработки снимка из набора TILLMore-CDC (изображение 288.jpg, три проростка в кадре): а) исходная цветная фотография; б) бинарная маска, полученная U-Net-сегментацией; в) реконструкция корневых систем алгоритмом

Заключение

Предложен полностью автоматизированный алгоритм реконструкции и количественного фенотипирования морфологических признаков растений в раннем онтогенезе, объединяющий нейросетевую сегментацию (U-Net) с графовой обработкой, в которой явно реализованы три биологически мотивированных компонента: водораздельное разделение подграфов растений, направленный обход с угловым и гравитропическим штрафом, композитная оценочная функция выбора главной оси. Покомпонентная абляция показала, что доминирующий вклад в стабилизацию реконструкции вносит водораздельное разделение, биологические штрафы сохраняются как принципиальная избыточность для нетипичных конфигураций. Численная схема вычисления интегральной кривизны $K(P)$ с кубическим В-сплайном и регуляризацией по Райншу – Диксу обоснована теоретически (через классические оценки погрешности сплайн-аппроксимации) и подтверждена эмпирически: медианная относительная ошибка около 5 % при чистой пиксельной квантизации против 3057 % для прямого численного дифференцирования.

Корректность алгоритма мы проверили, используя трехуровневую схему. Верификация графового модуля на эталонной RSML-разметке RootNav 2.0 wheat test ($n = 40$) дала $r^2 = 0,998$ для длины главной оси и превзошла заявленные показатели оригинального RootNav 2.0 $r^2 \approx 0,93$. Сквозное сравнение с алгоритмом RootGraph [Liu et al., 2013] на тех же исходных фотограfi-

ях показало устойчивое преимущество по всем метрикам ($r^2 = 0,997$ против 0,628 по длине главной оси). Сквозная валидация представленного в работе алгоритма против экспертной ручной разметки на независимом наборе данных TILLMore-CDC ($n = 24$ растения, 8/11 снимков, содержащих изображения нескольких растений) подтвердила переносимость разработанного алгоритма на другой вид культуры и протокол фотографирования при сохранении 100 % полноты на уровне отдельных растений.

Морфометрический анализ собственного набора данных показал, что для исследованной выборки пшеницы главные оси сосредоточены в узком диапазоне извилистости $\tau \in [1,0; 1,5]$, а боковые корни смещены в область повышенной извилистости ($\tau > 1,5$), формируя тяжелый хвост с $\tau > 1,8$. Эта статистическая закономерность согласуется с известными биологическими принципами гравитропизма и механосенсорной адаптации корней [Bao et al., 2014]. Установление причинно-следственной связи между морфотипом и адаптивными свойствами сорта требует более широкого селекционного эксперимента, что является направлением дальнейшей работы. Перспективные направления развития алгоритма включают замену U-Net на более современные архитектуры (Swin-Unet++, трансформерные модели) для повышения качества сегментации на сложных снимках, а также расширение выборки за счет привлечения публичных и партнерских селекционных коллекций.

Практическая значимость работы заключается в возможности автоматизированного фенотипирования растений на ранних стадиях онтогенеза. Разработанный подход может быть использован в селекционных программах для автоматизированного фенотипирования проростков, количественной оценки архитектуры корневой системы и отбора перспективных генотипов на ранних стадиях развития. В агрохимических исследованиях метод может применяться для анализа влияния удобрений, регуляторов роста и биологических препаратов на морфологию корневой системы. Алгоритм может быть встроен в роботизированные фенотипические комплексы и облачные сервисы для автоматического анализа корневых систем.

Список литературы (References)

- Band L. R., Fozard J. A., Godin C., Jensen O. E., Pridmore T., Bennett M. J., King J. R. Multiscale systems analysis of root growth and development: modeling beyond the network and the biology // *Plant Cell*. — 2012. — Vol. 24, No. 10. — P. 3892–3906.
- Bao Y., Aggarwal P., Robbins N. E., Sturrock C. J., Thompson M. C., Tan H. Q., Thao T. T., Cubas P., Bennett M. J., Dinneny J. R. Plant roots use a patterning mechanism to position lateral root branches toward available water // *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. — 2014. — Vol. 111, No. 25. — P. 9319–9324.
- Bradbury M. Image processing approaches for plant root phenotyping // *Computers and Electronics in Agriculture*. — 2023. — Vol. 206. — P. 107674.
- Das Choudhury S., Samal A., Awada T. Automated root phenotyping: challenges and opportunities // *Plant Phenomics*. — 2019. — Vol. 2019. — Article ID 9146592.
- de Boor C. A practical guide to splines. — New York: Springer-Verlag, 1978. — 392 p.
- Dierckx P. Curve and surface fitting with splines. — Oxford: Clarendon Press, 1993. — 285 p.
- Fernandez R., Crabos A., Maillard M., Nacry P., Pradal C., Varoquaux F., Roux C., Bouchereau A. High-throughput and automatic structural and developmental root phenotyping on Arabidopsis seedlings // *Plant Methods*. — 2022. — Vol. 18, No. 1. — Article ID 127.
- Furbank R. T., Tester M. Phenomics: technologies to relieve the phenotyping bottleneck // *Trends in Plant Science*. — 2011. — Vol. 16, No. 12. — P. 635–644.
- Liu S., Mi G., Yang Z., Zhang J., Chen Z., Wang X. RootGraph: a graphical optimization-based method for high-throughput root system identification // *Computers and Electronics in Agriculture*. — 2013. — Vol. 99. — P. 92–101.

- Lobet G., Koevoets I. T., Noll M., Meyer P. E., Tocquin P., Pagès L., Périlleux C., Bengough A. G., Draye X.* Using a structural root system model to evaluate and improve the accuracy of root image analysis pipelines // *Frontiers in Plant Science*. — 2015. — Vol. 6. — P. 822.
- Pound M. P., French A. P., Atkinson J. A., Wells D. M., Bennett M. J., Pridmore T.* RootNav: navigating images of complex root architectures // *Plant Physiology*. — 2013. — Vol. 162, No. 4. — P. 1802–1814.
- Reinsch C. H.* Smoothing by spline functions // *Numerische Mathematik*. — 1967. — Vol. 10, No. 3. — P. 177–183.
- Ruts T., Matsubara S., Walter A.* Synchronous high-resolution phenotyping of leaf and root growth in *Nicotiana tabacum* over 24-h periods with GROWMAP-plant // *Plant Methods*. — 2013. — Vol. 9. — Article ID 2. — DOI: 10.1186/1746-4811-9-2
- Tardieu F., Tuberosa R., Muller B.* How can plant physiology improve crop models? // *Journal of Experimental Botany*. — 2017. — Vol. 68, No. 10. — P. 2533–2544.
- TILLMore-CDC: dataset for cereal root phenotyping. — [Electronic resource]. — <https://github.com/MaicholD95/TILLMore-CDC> (accessed: 20.05.2026).
- Wang T., Xu C., Chen X., Liu Y., Wang H., Zhang Y.* Postprocessing strategies in deep root segmentation: improving topology preservation // *Plant Methods*. — 2021. — Vol. 17. — P. 95.
- Wang Y., Chen Z., Li J., Li Y., Liu Z., Wang H., Zhang Y.* Swin-Unet++: an improved architecture for plant root segmentation in high-density images // *Computers and Electronics in Agriculture*. — 2023. — Vol. 205. — P. 107774.
- Yasrab R., Atkinson J. A., Wells D. M., French A. P., Pridmore T. P., Pound M. P.* RootNav 2.0: Deep learning for automatic navigation of complex plant root architectures // *GigaScience*. — 2019. — Vol. 8, No. 11. — P. giz123.
- Zhang C., Bennett M., French A., Pound M., Pridmore T.* Deep learning-based segmentation of plant root images improves accuracy over traditional methods // *Plant Methods*. — 2020. — Vol. 16. — P. 112.
- Zhao H., Shen X., Chen W., Li Y., Wang M., Zhang Y.* RhizoPot platform: A high-throughput in situ root phenotyping platform // *Frontiers in Plant Science*. — 2022. — Vol. 13. — P. 1004904.