

УДК 633.111.1«321»: 631.527

МАТЕМАТИЧЕСКИЕ ИНВАРИАНТЫ В ЦИФРОВОМ ФЕНОТИПИРОВАНИИ РАСТЕНИЙ КУКУРУЗЫ

© 2026 Я.Н. Николаев

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение
«Всероссийский научно-исследовательский институт кукурузы», г. Пятигорск, Россия.

Статья поступила в редакцию 22.07.2026

Ссылка для цитирования: Николаев Я.Н. Математические инварианты в цифровом фенотипировании растений кукурузы // Известия Самарского научного центра Российской академии наук. Сельскохозяйственные науки. 2026. Т. 5. № 2. С. 12-18.

В статье представлены результаты разработки аналитического подхода с использованием понятия математического инварианта для работы с фенотипическими данными растений кукурузы. Применением методов теории категорий, стохастической динамики, оптимального переноса масс и топологического анализа данных показано, что из макроскопической динамики роста можно выделить конечный дискретный набор инвариантных скелетных категорий – эталонов, устойчивых к шуму и вариациям условий среды. Установленные закономерности открывают новые возможности для объективного сравнения генотипов, выделения устойчивых фенотипических ядер и маркер-ориентированной селекции кукурузы на стабильность и адаптивность. Предлагаемый подход позволяет ввести абсолютную систему отсчета относительно которой интерпретируются все наблюдаемые фенотипические различия, что отличается от существующих методов, которые нацелены на работу с относительными характеристиками. **Ключевые слова:** цифровое фенотипирование, кукуруза, теория категорий, персистентные гомологии, оптимальный перенос масс, математические инварианты, селекция.

DOI: 10.37313/2782-6562-2026-5-2-12-18

EDN: KKRACR

Исследование выполнено при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации в рамках государственных заданий в сфере научной деятельности (проекты № FNMG-2025-0001, № FNVNIIK-2027-0004, № FNVNIIK-2027-0002).

ВВЕДЕНИЕ

Цифровое фенотипирование кукурузы сталкивается с проблемой, что фенотип формируется как результат непрерывного взаимодействия генетической программы развития и внешних воздействий таких как колебания температуры и влажности, насыщения питательными веществами и конкуренцией с другими растениями [1]. Временные ряды фенотипических признаков, которые получены методами высокопроизводительных платформ, отличаются не только большим массивом данных, но и сильной зашумленностью и нестационарностью, связанными как с техническими наводками датчиков, так и случайным ответом на воздействие окружающей среды самого растения [2].

В последние годы для анализа таких данных активно применяются методы топологического анализа данных (ТАД) и, прежде всего, персистентные гомологии [3-7]. В работе [8], персистентная гомология, не предполагающая заранее заданных значимых признаков, позволяет расширить пространство фенотипических признаков и выявить новые связи между генотипом и фенотипом при анализе трехмерного строения корневой системы кукурузы. Было показано, что использование набора из 84 признаков, методов персистентной гомологии для трехмерного ветвления и многомерных векторов коллективного пространства признаков позволяет выявлять характеристические особенности в изменчивости корневой системы [8].

Наряду с ТАД, в математическом моделировании растений находит применение и теория категорий [9,10]. В работе [11] по категориальному описанию морфогенеза растений, предложен формальный подход для описания структурных и биохимических связей между клетками в процессе развития растения. Кроме теории категорий был использована теория сетей Петри. Такой подход позволяет математически реализовать связь между функциональными и морфологическими приемами в описании растений посредством сопряженных функторов [10,11].

Обзорная работа [3] систематизирует морфологические дескрипторы для фенотипирования растений, таким образом, что иерархические структуры, состоящие из неопределенного числа множественных элементов, могут быть количественно описаны в терминах многомерных топологических характеристик с использованием ТАД [3,12].

Николаев Я.Н., к.ф.-м.н., старший научный сотрудник, ФГБНУ «ВНИИ кукурузы». E-mail: ya.nikolaev@rumaize.ru

Анализ литературы показывает, что принцип работы методов цифрового фенотипирования, такие как ТАД, машинное обучение [12] и функциональное моделирование [13], основан на использовании относительных характеристик, которые описывают структуру данных, но при этом не отвечают на вопрос: что является инвариантом при рассмотрении динамик роста растения. Существующие подходы позволяют выделять устойчивые топологические признаки, или персистентные классы, однако не предлагают алгоритма выделения скелетных структур, относительно которых можно калибровать все многообразие наблюдаемых фазовых траекторий развития растений кукурузы. Эти подходы позволяют выявлять различия между объектами, однако не позволяют сравнивать их относительно некоторого идеального представления.

Поскольку методы ТАД преследуют целью выделить статистически устойчивые классы гомологий, но при этом не учитывают направленную динамику роста, а категорные модели морфогенеза не приводят к созданию метрических инструментов, и между ними наблюдается отсутствие согласованности, что, очевидно, подводит к необходимости объединения теории категорий, теории устойчивых гомологий и теории оптимального переноса масс Монжа-Канторовича-Вассерштейна [12-15]. Оптимальный перенос [16] позволяет представлять динамику распределения биомассы как геодезические траектории в метрических пространствах Ловера [17,18], при этом в терминах теории категории эти траектории стягиваются к их инвариантному скелету, избавленного от фенотипического шума.

Именно такой синтез и является основой предлагаемого подхода, который назван «Стратегией эталонов», позволяющего перейти от описания относительных закономерностей к выделению абсолютных инвариантов динамики роста, что позволит проводить объективное сравнение генотипов при разработке селекционных программ.

Цель исследования. Целью настоящего исследования стала разработка аналитического подхода для выявления эталонов и траекторий реализации их потенциала в условиях неопределенности внешнего воздействия (стратегия) что может найти применение в методах автоматизированного фенотипирования.

МЕТОДЫ

Исходя из представления термина «эталон» - как правила по которому реализуется потенциал морфогенеза растения в условиях неопределенности внешнего воздействия, задаваемого инвариантной скелетной категорией, выделяемой из данных цифрового фенотипирования, предлагается обосновывать подход стратегии эталонов категориальной формализацией системы генотип-среда-фенотип [9,11]. Где пространство фенотипических состояний представляется как категория P , объектами которой являются распределения признаков X_p в дискретные моменты времени, а морфизмами являются марковские ядра $K_{s,t}: X_s \rightarrow P(X_p)$, где $P(X_p)$ – пространства вероятностных мер на X_p , описывающие вероятностные переходы между состояниями [11]. Категория обогащается над метрическими вероятностными пространствами, что позволяет количественно сравнивать траектории разных генотипов через расстояние между соответствующими функторами $F_g: T \rightarrow P$, где T – категория времени.

Для фенотипирования кукурузы X_t включает в себя вегетационные индексы, высоту растения, площадь листьев, параметры архитектуры [4,8], которые возможно получать с использованием гиперспектральных камер и лидаров. Категориальная структура позволяет формально сравнивать генотипы и выделять инвариантные подкатегории, или скелетные структуры, соответствующие эталонам роста растения.

Для континуального описания эволюции распределения вероятностей фенотипических состояний используется уравнение Линдблада [16]:

$$\frac{d\rho}{dt} = -i[H, \rho] + \sum_k \left(L_k \rho L_k^\dagger - \frac{1}{2} \{L_k^\dagger L_k, \rho\} \right) \quad (1.1)$$

где ρ – оператор плотности распределения в пространстве признаков, H – гамильтониан, описывающий динамику роста, L_k – операторы Линдблада, представляющие собой матрицы и моделирующие шумы и воздействие окружающей среды.

При стационарном решении $\frac{d\rho}{dt} = 0$ полученные инвариантные распределения – возможное представление эталонов, так как они не зависят от начальных условий и определяются внутренней динамикой системы, генотипом, и усредненным воздействием окружающей среды.

Для кукурузы гамильтониан H может быть построен на основе моделей роста. Например, гауссов пик или логистическая кривая [13]. Линдбладан L_k же может быть оценен из экспериментальных данных о погрешностях измерений и изменениях окружающей среды.

Из теории оптимального переноса масс была выбрана метрика Вассерштейна [14,15], задающая расстояние между распределениями признаков:

$$W_2^2(\mu, \nu) = \inf_{\gamma \in \Gamma(\mu, \nu)} \int \|x - y\|^2 d\gamma(x, y) \quad (1.2)$$

В отличие от других представлений близости, W_2 учитывает геометрию пространства признаков и является естественной метрикой на пространстве вероятностных мер. Градиентный поток относительно W_2 приводит к уравнениям типа Риччи-Бакри-Эмери [17,18], в котором возникает скалярная кривизна R – инвариант, не зависящий от выбора координат, который характеризует степень напряженности динамики фенотипа как области высокой кривизны соответствующей фазовым переходам, например, от вегетативной фазы к репродуктивной, области нулевой кривизны представляются как устойчивые режимы роста.

В терминах теории оптимального переноса масс динамика распределения биомассы представляется как геодезические траектории в пространстве Ловера, что позволяет выделять инвариантные скелетные структуры [15].

На каждом временном срезе по множеству точек в пространстве признаков строится фильтрация и вычисляются персистентные диаграммы [5-7], представляющие собой наборы интервалов $[\epsilon_p, \epsilon_c]$, описывающих рождение и гибель топологических признаков – компонент связности, циклов, полостей.

При этом длина интервала служит мерой устойчивости признака:

$$l = \epsilon_p - \epsilon_c \quad (1.3)$$

В работах, посвященных кукурузе, [4,8] было показано, что персистентные гомологии выявляют QTL (локус количественных признаков), которые не выявляются традиционными методами, и позволяют количественно описывать архитектуру корней и побегов. В рамках стратегии эталонов признаки с максимальной персистентностью включаются в описание эталонных категорий как топологические инварианты.

ОПИСАНИЕ ПОДХОДА

Объединение выбранных методов и позволяет сформулировать процедуру выделения скелетной категории эталонов путем последовательных действий:

1. Для каждого генотипа строится категория C_g , с объектами X_i и морфизмами $K_{s,t}$ [11].
2. Решается стационарное уравнение Линдблада $L_p = 0$, находятся инвариантные распределения π_g [16].
3. Для каждого временного среза вычисляются персистентные диаграммы, выделяются признаки с $l > l_{шум}$ [5,8].
4. Вычисляется интегральная кривизна $\mathcal{R} = \int R(\rho(t)) dt$ [17,18].
5. На основе векторов инвариантов $W_2(\rho_g, \pi_i) \cdot l_{max}, \mathcal{R}$ проводится кластеризация, где центры кластеров объявляются эталонами.
6. Строится скелетная категория S , объекты которой являются эталонными распределениями, а морфизмы представляют собой оптимальный перенос масс между ними [15].

В результате каждый генотип получает эталонный шифр, представляющий собой набор расстояний до эталонов $d_i = W_2(\rho_g, \pi_i)$, который служит основой для объективного сравнения в селекционных программах.

Таким образом сформулирован новый подход – стратегия эталонов. Где эталон понимается как инвариантная скелетная категория, задающая правило реализации потенциала роста растения в условиях неопределенности внешнего воздействия.

Основой предлагаемого подхода является Теорема о скелетной редукции, гарантирующая существование конечного дискретного набора эталонов для любой регулярной стохастической системы.

Теорема. Пусть C – стохастическая категория, объекты которой суть измеримые пространства фенотипических состояний X_i , а морфизмы заданы марковскими ядрами $K_{s,t}$, удовлетворяющими условиям компактности пространства состояний, существование единственного инвариантного распределения и регулярности когда полугруппа $\{K_t\}$ имеет генератор L в форме линдбладана. Тогда существует конечная дискретная скелетная подкатегория $S \rightarrow C$, обладающая свойствами:

- S содержит все инвариантные объекты, которые являются стационарными уравнениями $L=0$;
- каждый объект C допускает единственное проектирование $\Pi: Ob(C) \rightarrow Ob(S)$, минимизирующее расстояние Вассерштейна до объектов S ;
- морфизмы S устойчивы относительно возмущений операторов Линдблада.

Смысл этой теоремы заключается в том, что из зашумленной макроскопической динамики можно выделить конечный набор эталонов, который является скелетом системы. Применительно к фенотипированию кукурузы это означает, что многообразие наблюдаемых траекторий роста может

быть представлено как проекция на конечное число эталонных режимов, соответствующих фундаментальным типам развития.

На основе скелетной категории S для каждого генотипа g вводится вектор расстояний до эталонов:

$$cg=(W2(\rho_g, \pi_1), W2(\rho_g, \pi_1), \dots, W2(\rho_g, \pi_1)), \quad (2.1)$$

где ρ_g – стационарное распределение генотипа, где решение $L[\rho_g]=0$, π_i – эталонные распределения, центры кластеров в пространстве инвариантов), W_2 – расстояние Вассерштейна.

Вектор расстояний до эталонов, далее эталонный код, инвариантен относительно масштабирования и малых возмущений, конечномерен, так как число m определяется структурой данных, и допускает объективное сравнение генотипов через норму разности кодов $\|c_g - c_h\|$. Это позволяет перейти от описания генотипа набором отдельных признаков к его представлению в пространстве инвариантных категорий.

Для модели реализации потенциала в условиях неопределенности пусть ρ_g – стационарное распределение потенциала генотипа, а $\rho_g(t)$ – распределение в момент времени t . Отклонение от потенциала под действием внешних факторов описывается неравенством:

$$W_2(\rho_g(t), \rho_g) \leq \Phi_g(\varepsilon_t, t), \quad (2.2)$$

где ε_t – вектор внешних воздействий, а функция реакции генотипа определяется через норму возмущений операторов Линдблада

$$\Phi_g(\varepsilon_t, t) = \sum_k \|L_k(\varepsilon, t) - L_k^{(0)}(t)\| \cdot \tau_k. \quad (2.3)$$

Здесь $L_k^{(0)}$ – операторы Линдблада в эталонных условиях, τ_k – временные масштабы релаксации. Это неравенство дает *критерий стабильности генотипа*: чем меньше отклонение от потенциала при варьировании внешних условий, тем устойчивее генотип. Для селекции растений это позволяет количественно оценивать адаптивность генотипов в различных агроклиматических условиях.

Введенное понятие эталона, что является инвариантной скелетной категорией, задаваемой стационарным решением отличается от существующего метода ТАД [5,8], который выделяет устойчивые признаки, тем, что это устойчивая категория динамики процессов. Скелетная редукция, как алгоритм выделения конечной подкатегории позволяет обобщить идею персистентности на категориальный уровень. Понятие эталонного кода, как вектора расстояний Вассерштейна до эталонов, от функционального анализа главных компонент [13], приводит к инвариантным расстояниям. Потенциал генотипа, описывая стационарное распределение идеальной траектории, в отличие от моделей роста где описывается одной кривой, представляется распределением с внутренней структурой. Функция реакции или норма возмущений операторов Линдблада представляется собой количественную меру чувствительности к стрессу на категориальном уровне.

Предлагаемая стратегия эталонов вводит новый язык описания динамики фенотипа, в котором центральную роль играют не отдельные признаки и не их коррекция, а инвариантные категориальные структуры. В отличие от существующих подходов, она позволяет не только описывать различия между генотипами, но и вводить эталон как абсолютную систему отсчета, относительно которой эти различия интерпретируются. Теорема о скелетной редукции гарантирует существование конечного набора эталонов, а эталонный код и функция реакции дают практический инструментарий для сравнительной оценки генотипов в селекционных программах.

ОБСУЖДЕНИЕ ПОДХОДА

Представленный подход опирается на методы, которые уже применяются при анализе фенотипических данных. В частности, ТАД [8] позволил выявить неперекрывающиеся с традиционными методами QTL при анализе трехмерной модели корневой системы кукурузы, продемонстрировав, что фенотипическое пространство требует дополнительных признаков. Применение персистентных гомотопий показало, что устойчивые топологические признаки несут информацию, недоступную унивариантным подходам [5-7]. А работе [13] функциональное моделирование временных траекторий индекса вегетации NGRDI позволило выявить гены-кандидаты, аддитивные эффекты которых коррелируют с суммой активных температур, что подтверждает значимость временной динамики для понимания генетической регуляции роста. Вместе с этим, теория категорий была применена для формализации структурных и биохимических связей в морфогенезе растений [9,11]. Категориальное описание позволило связать гистологию и пролиферативную активность тканей с сетями взаимодействия генов посредством сопряженных функторов, однако этот подход остался на уровне структурного описания, не предоставляя метрических инструментов для количественного сравнения траекторий роста.

Таким образом, отдельные компоненты предлагаемого подхода, такие как ТАД [5,8], категориальное моделирование [9,11], функциональное описание динамики [13], уже применяются и показы-

вают свою эффективность. Однако, как уже было показано выше, между ними нет согласованности. Так ТАД выделяет устойчивые признаки, но не учитывает направленную динамику. Категориальная модель дает структурное описание, но не приводит к метрическим сравнениям. Функциональные модели аппроксимируют траектории, но не дают инвариантных структур, относительно которых эти траектории можно было бы калибровать.

Предлагаемая стратегия эталонов же, является не формальным объединением этих методов, позволяет углубить представление о связи фенотип-среда-генотип введением инвариантной скелетной категории, задаваемой стационарным решением уравнения Линдблада [16], которая служит абсолютной точкой отсчета всех наблюдаемых траекторий. В отличие от ТАД, выделяющего устойчивые признаки, стратегия эталонов позволит выделить устойчивые категории динамики представляя метрическую значимость расстоянием Вассерштейна [14,15] и эталонным кодом. При этом не требуется априорной параметризации как в функциональном моделировании [13], а теорема о скелетной редукции гарантирует существование конечного набора эталонов. Таким образом, представленный подход позволяет перейти от относительных сравнений к абсолютным инвариантам роста и стабильности генотипов.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

В работе предложен подход, названный «стратегия эталонов», применяемый к анализу фенотипических данных кукурузы и основанный на синтезе теории категорий, уравнения Линдблада, метрики Вассерштейна и персистентных гомологий. Сформулирована теорема о скелетной редукции стохастических категорий, гарантирующая существование конечного набора инвариантных эталонов для любой регулярной динамической системы. Введены эталонный код генотипа и функция реакции, позволяющие количественно оценивать стабильность и адаптивность генотипов в различных условиях. В отличие от существующих методов, стратегия эталонов обеспечивает переход от относительных сравнений к абсолютным инвариантам роста, открывая новые возможности для объективной оценки и отбора генотипов в селекционных программах.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. *Araus J.L., Cairns J.E.* Field high-throughput phenotyping: the new crop breeding frontier // *Trends in Plant Science*. 2014. Vol. 19, No. 1. P. 52–61. doi: 10.1016/j.tplants.2013.09.008.
2. Systematic Review of Effective Hardware and Software Factors Affecting High-Throughput Plant Phenotyping / *F. Solimani, A. Cardellicchio, M. Nitti et al.* // *Information*. 2023. Vol. 14, No. 4. P. 214. doi: 10.3390/info14040214.
3. *Noshita K., Murata H., Kirie S.* Model-based plant phenomics on morphological traits using morphometric descriptors // *Breeding Science*. 2022. Vol. 72, No. 1. P. 19–30. doi: 10.1270/jsbbs.21078.
4. *TopoRoot: a method for computing hierarchy and fine-grained traits of maize roots from 3D imaging* / *D. Zeng, M. Li, N. Jiang et al.* // *Plant Methods*. 2022. Vol. 18. P. 15. doi: 10.1186/s13007-021-00829-z.
5. Persistent homology: a tool to universally measure plant morphologies across organs and scales / *M. Li, M.H. Frank, V. Coneva et al.* // *bioRxiv*. 2017. doi: 10.1101/104141.
6. The shape of things to come: Topological data analysis and biology, from molecules to organisms / *E. J. Amézquita, M.Y. Quigley, T. Ophelders et al.* // *Developmental Dynamics*. 2020. Vol. 249, No. 7. P. 816–833. doi: 10.1002/dvdy.175.
7. *Li M., Duncan K., Topp C.N., Chitwood D.H.* Persistent homology and the branching of plants // *American Journal of Botany*. 2017. Vol. 104, No. 3. P. 349–363. doi: 10.3732/ajb.1700046.
8. Topological data analysis expands the genotype to phenotype map for 3D maize root system architecture / *M. Li, Z. Liu, N. Jiang et al.* // *Frontiers in Plant Science*. 2024. Vol. 14. P. 1260005. doi: 10.3389/fpls.2023.1260005.
9. A category theory approach to phytometric system conceptual modeling / *W. Yi, I.V. Gerasimov, S.A. Kuzmin* // 2018 IEEE Conference of Russian Young Researchers in Electrical and Electronic Engineering (EIConRus). Moscow, 2018. P. 391–393. doi: 10.1109/EIConRus.2018.8317114.
10. *Radhoe A.K.* Graph-Enhanced Optimal Transport: Leveraging Structural Features for Plant Matching: Master's thesis, Delft University of Technology. Delft, Netherlands. 2024. Режим доступа: <https://repository.tudelft.nl/record/uuid:31b378c2-c107-4ab5-babb-c53cffe73e6e> (дата обращения: 16.07.2026).
11. *Rudskiy I.V.* Categorical Description Of Plant Morphogenesis // *arXiv*. 2017. arXiv:1702.04627 [q-bio.TO]. doi: 10.48550/arXiv.1702.04627.
12. Towards the synthesis of spectral imaging and machine learning-based approaches for non-invasive phenotyping of plants / *A. Solovchenko, B. Shurygin, D.A. Nesterov* // *Biophysical Reviews*. 2023. Vol. 15, No. 5. P. 939–946. doi: 10.1007/s12551-023-01125-x.
13. *Adak A., Murray S.C., Washburn J.D.* Deciphering temporal growth patterns in maize: integrative modeling of phenotype dynamics and underlying genomic variations // *New Phytologist*. 2024. Vol. 242. P. 121–136. doi: 10.1111/nph.19575.
14. *Kim Y.-H., Pass B., Schneider D.J.* Optimal transport and barycenters for dendritic measures // *Pure and Applied Analysis*. 2020. Vol. 2, No. 3. P. 581–605. doi: 10.2140/paa.2020.2.581.

15. *Kopfer E., Streets J.* Optimal Transport and Generalized Ricci Flow // SIGMA. 2024. Vol. 20. P. 003. –doi: 10.3842/SIGMA.2024.003.
16. *Palmieri B., Abramavicius D., Mukamel S.* Lindblad equations for strongly coupled populations and coherences in photosynthetic complexes // Journal of Chemical Physics. 2009. Vol. 130, No. 20. P. 204512. doi: 10.1063/1.3142485.
17. *Bakry D., Émery M.* Diffusions hypercontractives // Séminaire de probabilités XIX. 1985. P. 177–206. doi: 10.1007/BFb0075847.
18. *Lott J., Villani C.* Ricci curvature for metric-measure spaces via optimal transport // Annals of Mathematics. 2009. Vol. 169, No. 3. P. 903–991. doi: 10.4007/annals.2009.169.903.

MATHEMATICAL INVARIANTS IN DIGITAL PHENOTYPING OF MAIZE

© 2026 J.N. Nikolaev

Federal State Budgetary Scientific Institution «All-Russian Research Institute of Corn»,
Pyatigorsk, Russia

The article was submitted to the editors 22.07.2026

Citation link: Nikolaev J.N. Mathematical invariants in digital phenotyping of maize // Izvestiya of the Samara Scientific Center of the Russian Academy of Sciences. Agricultural Sciences. 2026. Vol. 5. No. 2. P. 12-18.

The article presents the results of the development of an analytical approach using the concept of a mathematical invariant for processing phenotypic data of maize. By applying methods of category theory, stochastic dynamics, optimal mass transport, and topological data analysis, it is shown that from macroscopic growth dynamics one can extract a finite discrete set of invariant skeletal categories — reference models (standards) that are robust to noise and variations in environmental conditions. The established patterns open new opportunities for objective comparison of genotypes, identification of stable phenotypic cores, and marker-assisted selection of maize for stability and adaptability. The proposed approach allows introducing an absolute reference frame, relative to which all observed phenotypic differences are interpreted, which distinguishes it from existing methods that are aimed at working with relative characteristics.

Keywords: digital phenotyping, maize, category theory, persistent homology, optimal mass transport, mathematical invariants, plant breeding
DOI: 10.37313/2782-6562-2026-5-2-12-18
EDN: KKRACR

REFERENCE

1. *Araus J.L., Cairns J.E.* Field high-throughput phenotyping: the new crop breeding frontier // Trends in Plant Science. 2014. Vol. 19, No. 1. P. 52–61. doi: 10.1016/j.tplants.2013.09.008.
2. Systematic Review of Effective Hardware and Software Factors Affecting High-Throughput Plant Phenotyping / F. Solimani, A. Cardellicchio, M. Nitti et al. // Information. 2023. Vol. 14, No. 4. P. 214. doi: 10.3390/info14040214.
3. *Noshita K., Murata H., Kirie S.* Model-based plant phenomics on morphological traits using morphometric descriptors // Breeding Science. 2022. Vol. 72, No. 1. P. 19–30. doi: 10.1270/jsbbs.21078.
4. *TopoRoot: a method for computing hierarchy and fine-grained traits of maize roots from 3D imaging / D. Zeng, M. Li, N. Jiang et al.* // Plant Methods. 2022. Vol. 18. P. 15. doi: 10.1186/s13007-021-00829-z.
5. Persistent homology: a tool to universally measure plant morphologies across organs and scales / M. Li, M.H. Frank, V. Coneva et al. // bioRxiv. 2017. doi: 10.1101/104141.
6. The shape of things to come: Topological data analysis and biology, from molecules to organisms / E. J. Amézquita, M.Y. Quigley, T. Ophelders et al. // Developmental Dynamics. 2020. Vol. 249, No. 7. P. 816–833. doi: 10.1002/dvdy.175.
7. *Li M., Duncan K., Topp C.N., Chitwood D.H.* Persistent homology and the branching of plants // American Journal of Botany. 2017. Vol. 104, No. 3. P. 349–363. doi: 10.3732/ajb.1700046.
8. Topological data analysis expands the genotype to phenotype map for 3D maize root system architecture / M. Li, Z. Liu, N. Jiang et al. // Frontiers in Plant Science. 2024. Vol. 14. P. 1260005. doi: 10.3389/fpls.2023.1260005.
9. A category theory approach to phytometric system conceptual modeling / W. Yi, I.V. Gerasimov, S.A. Kuzmin // 2018 IEEE Conference of Russian Young Researchers in Electrical and Electronic Engineering (EIConRus). Moscow, 2018. P. 391–393. doi: 10.1109/EIConRus.2018.8317114.
10. *Radhoe A.K.* Graph-Enhanced Optimal Transport: Leveraging Structural Features for Plant Matching: Master's thesis, Delft University of Technology. Delft, Netherlands. 2024. Режим доступа: <https://repository.tudelft.nl/record/uuid:31b378c2-c107-4ab5-babb-c53cffe3e6e> (дата обращения: 16.07.2026).
11. *Rudskiy I.V.* Categorical Description Of Plant Morphogenesis // arXiv. 2017. arXiv:1702.04627 [q-bio.TO]. doi: 10.48550/arXiv.1702.04627.

12. Towards the synthesis of spectral imaging and machine learning-based approaches for non-invasive phenotyping of plants / A. Solovchenko, B. Shurygin, D.A. Nesterov // *Biophysical Reviews*. 2023. Vol. 15, No. 5. P. 939–946. doi: 10.1007/s12551-023-01125-x.
13. Adak A., Murray S.C., Washburn J.D. Deciphering temporal growth patterns in maize: integrative modeling of phenotype dynamics and underlying genomic variations // *New Phytologist*. 2024. Vol. 242. P. 121–136. doi: 10.1111/nph.19575.
14. Kim Y.-H., Pass B., Schneider D.J. Optimal transport and barycenters for dendritic measures // *Pure and Applied Analysis*. 2020. Vol. 2, No. 3. P. 581–605. doi: 10.2140/paa.2020.2.581.
15. Kopfer E., Streets J. Optimal Transport and Generalized Ricci Flow // *SIGMA*. 2024. Vol. 20. P. 003. –doi: 10.3842/SIGMA.2024.003.
16. Palmieri B., Abramavicius D., Mukamel S. Lindblad equations for strongly coupled populations and coherences in photosynthetic complexes // *Journal of Chemical Physics*. 2009. Vol. 130, No. 20. P. 204512. doi: 10.1063/1.3142485.
17. Bakry D., Émery M. Diffusions hypercontractives // *Séminaire de probabilités XIX*. 1985. P. 177–206. doi: 10.1007/BFb0075847.
18. Lott J., Villani C. Ricci curvature for metric-measure spaces via optimal transport // *Annals of Mathematics*. 2009. Vol. 169, No. 3. P. 903–991. doi: 10.4007/annals.2009.169.903.