

УДК: 004.65:575.162:633.11

Информационная поддержка селекционно-генетического эксперимента у пшеницы в системе WheatPGE

©2012 Генаев М.А., Дорошков А.В., Пшеничникова Т.А.,
Морозова Е.В., Симонов А.В., Афонников Д.А.*

Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук, г. Новосибирск, Новосибирская область, 630090, Россия

Аннотация. Современный селекционно-генетический эксперимент у растений опирается на информацию о геноме растений, генетических маркерах и должен обеспечить сбор информации о фенотипе растения в массовом масштабе. В настоящей работе описана база данных WheatPGE которая позволяет обеспечить информационную поддержку для подобных экспериментов у пшеницы, включая массовое фенотипирование растений. База данных доступна по адресу <http://wheatdb.org>.

Ключевые слова: Базы данных, пшеница, фенотип, генотип, окружающая среда, селекционно-генетический эксперимент.

ВВЕДЕНИЕ

Одной из важных задач современной биологии является разработка эффективных методов фенотипирования [1]. Для растений разработка быстрых и относительно точных подходов широкомасштабного определения фенотипических признаков является все более актуальной в задачах исследования взаимосвязи генотипа и фенотипа [2], которые включают массовый анализ тысяч растений [3, 4]. Очевидно, что для выборок такого размера традиционные способы определения большинства фенотипических характеристик (визуальные, тактильные, измерение линейкой и пр.) малоэффективны, так же как и традиционные способы хранения данных в лабораторных журналах. Современные подходы направлены на автоматизацию фенотипирования, которая позволит существенно ускорить процесс сбора данных, повысить точность оценок фенотипических характеристик, измерять их новые параметры, а так же исключить субъективизм человеческой оценки из процесса измерения [5]. Как правило, они основаны на компьютерном анализе цифровых изображений растений [6, 7]. Однако наряду с этими методами необходимо внедрение технологий, которые бы позволяли повысить эффективность традиционных способов измерения параметров фенотипа, в особенности в полевых условиях. Такие технологии позволят быстро вносить результаты измерений в компьютерные базы данных (БД), что приведет к ускорению процесса сбора фенотипических данных [8–11].

Такие базы данных, содержащие информацию о фенотипе и генотипе организма, в последнее время активно создаются в связи с актуальностью решения указанных задач

* ada@bionet.nsc.ru

[12], в том числе и для растений [13–15]. Большая часть из них описывают генетические коллекции, где для различных генотипов растений описывается их фенотипические данные, что позволяет генетику или селекционеру быстро выбирать родительские организмы для проведения необходимых скрещиваний [16, 13, 14].

В последнее время все активнее разрабатываются подходы по информационной поддержке самих селекционно-генетических экспериментов, при выполнении которых создаются большие массивы разнородных экспериментальных данных [8, 17]. Управление такими массивами с целью получения достоверных, ясных выводов является крайне актуальной задачей.

Пшеница является одной из важнейших сельскохозяйственных культур, постоянно находящаяся в процессе улучшения и селекции новых сортов, обладающих высокой урожайностью, устойчивостью к засухе или заболеваниям. Особенно актуальны эти исследования для России, большая часть плодородных земель которой находится в зоне рискованного земледелия. Для пшеницы созданы базы данных описывающие генетические коллекции и фенотипические признаки растений различных сортов [14, 15]. Однако задача разработки информационных подходов, направленных на автоматизацию проведения селекционно-генетического эксперимента остается актуальной. Отметим, что при ее решении важно учитывать так же место произрастания растений и условия окружающей среды.

В настоящей работе мы предлагаем расширение ранее созданной нами базы данных WheatPGE, направленной на изучение взаимоотношений фенотип-генотип-окружающая среда у пшеницы [18], направленное на обеспечение проведения высокопроизводительного фенотипирования в ходе селекционно-генетических экспериментов.

Созданная нами система позволяет в процессе эксперимента производить сбор данных по параметрам фенотипа растения, фазам его развития, агротехническим мероприятиям, производить мониторинг погоды в месте его произрастания. Работа с системой через интернет возможна как с персонального компьютера в лаборатории, так и с мобильного устройства в полевых условиях.

КОНЦЕПТУАЛЬНАЯ МОДЕЛЬ ДАННЫХ

Селекционно-генетический эксперимент заключается в сравнении фенотипических характеристик растений, имеющих разные генотипы, условия произрастания. Он включает, как правило, следующие этапы (рис. 1):

- 1) планирование эксперимента (выбор сортов, места и условий произрастания);
- 2) посев семян;
- 3) в процессе эксперимента необходимо отслеживать агрометеорологические условия в месте произрастания пшеницы (температура, влажность, количество осадков);
- 4) в процессе роста растений производятся агротехнические мероприятия (прополка, внесение удобрений и т. п.);
- 5) в процессе роста и развития растений производятся наблюдения над ним – определяются фазы его развития;
- 6) в процессе роста растения определяются его фенотипические характеристики (например, длина стебля, размер листьев, пораженность заболеванием, причем некоторые характеристики могут быть измерены одновременно, другие могут измеряться в процессе эксперимента);
- 7) сбор урожая;
- 8) обработка результатов наблюдений.

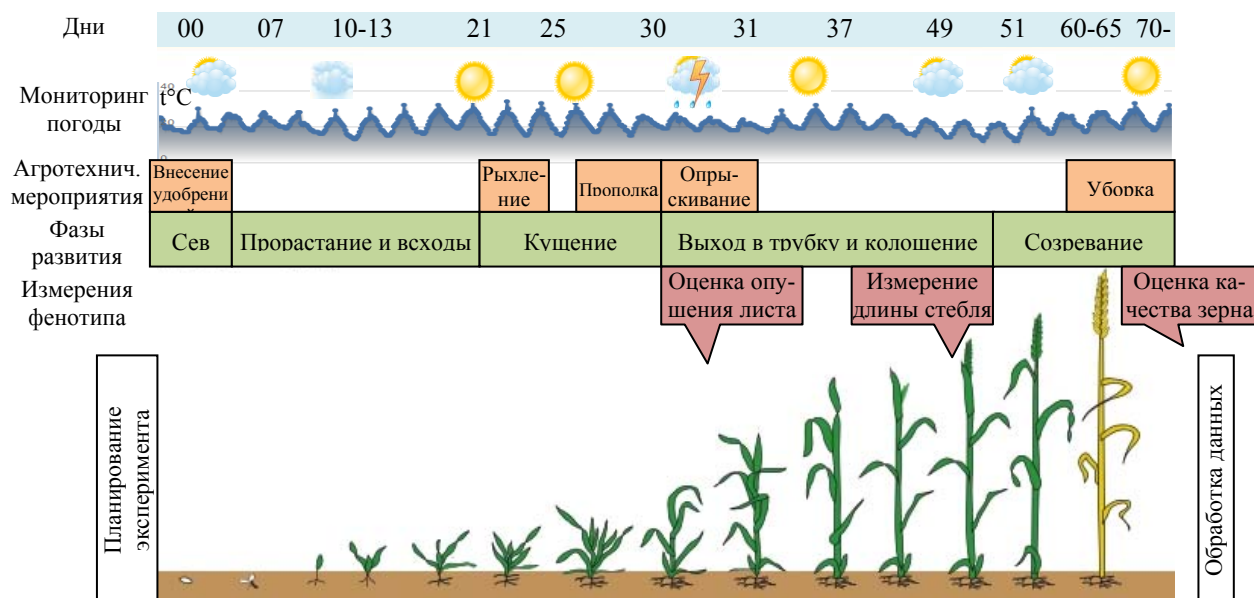


Рис. 1. Общая схема селекционно-генетического эксперимента у пшеницы.

Центральным объектом в эксперименте является растение. Оно характеризуется уникальным генотипом, фенотипом и местом произрастания. Поэтому в нашей базе данных центральным объектом является растение, которое связано с тремя основными блоками информации – ГЕНОТИП, ФЕНОТИП, МЕСТО ПРОИЗРАСТАНИЯ.

Описание генотипа должно включать такие важные характеристики как индивидуальное название сорта или линии, а также известные для него молекулярные маркеры или гены морфологических признаков. Кроме того, для обеспечения экспериментов по картированию количественных признаков (QTL) необходимо описать для каждого генотипа набор молекулярных маркеров.

Описание фенотипа должно обеспечивать возможность добавления различных характеристик растений, прежде всего, отражающих его урожайность и качество зерна - признаки, наиболее важные для селекционеров. Другим важным типом информации является описание стадий развития растения. Кроме того, в последнее время для фенотипирования растений широко используется компьютерный анализ изображений [5–7]. Поэтому база данных должна иметь возможность сохранять информацию об изображениях в цифровом формате. Отметим, что измерение параметров фенотипа может производиться в ходе эксперимента как для одного растения, так и для группы растений. Например, для получения экспериментальных образцов при оценке свойств зерна и муки требуется использовать несколько растений, что необходимо учесть при формировании логической структуры базы данных.

Селекционно-генетический эксперимент проводится в определенном месте (поле, теплица), которое во многом определяет условия произрастания. Характеризовать его можно широтой, долготой, климатическими условиями.

Для того чтобы характеризовать динамическое изменение параметров растений и окружающей среды в процессе эксперимента мы предлагаем использовать для описания эксперимента понятие «шкалы времени» (timeline). Каждый этап проведения эксперимента рассматривается как «событие» на этой шкале (посев, агротехнические мероприятия, измерение фенотипических характеристик, параметров окружающей среды, изменение стадии развития растений). Каждое событие в этой концепции имеет время начала и время окончания и привязано к растению, а через растение может быть привязано и к месту произрастания. Информация о событии может быть нескольких типов:

- 1) метеорологические параметры;

- 2) агротехнические мероприятия;
- 3) стадии развития растений;
- 4) оценка фенотипических параметров растений.

Метеорологические параметры можно измерять в автоматическом режиме с помощью автоматических метеостанций, которые могут выдавать информацию с датчиков через интернет. Они сохраняются в базе и затем могут быть использованы для определения погодных условий в процессе проведения эксперимента. Для каждого измерения метеорологического параметра указывается название (параметр среды) и его значение.

Агротехнические мероприятия могут быть охарактеризованы названием, длиться в течение нескольких дней (например, прополка поля). К тому же агротехнические мероприятия могут иметь числовой атрибут – например, количество внесенных удобрений.

Стадии развития растений пшеницы могут длиться несколько дней. Для биолога важны даты начала этих стадий и окончания, а так же длительность, которую можно вычислить, зная начало и конец стадии. Для растений существует ограниченный набор стадий развития.

Информация о проведении измерений включает наименование операции, измеряемую величину и единицы измерения, в которых она получена.

Таким образом, для каждого события помимо его типа необходимо знать его название, числовой атрибут (измерение), единицы измерения для него.

ЛОГИЧЕСКАЯ МОДЕЛЬ ДАННЫХ

Логическая модель данных включает таблицу растения, связанную с четырьмя блоками информации – генотипом, фенотипом, местом произрастания и экспериментом.

Всего в текущей версии БД содержит 32 таблицы и 55 отношений между ними. Список таблиц и их краткое описание приведены в таблице 1.

Таблица, описывающая растение содержит список идентификаторов таблиц, описывающих его генетические, фенотипические признаки, место произрастания и условия среды (табл. 2). Индексируемым является поле id. Для того, чтобы в базе данных можно было бы работать с признаками, которые идентифицируются для нескольких растений, мы добавили для растения специальное поле: единичное растение («single plant»). В случае анализа единственного растения это поле содержит 1. Если экспериментатор рассматривает при анализе совокупность из нескольких растений и их признаки, то поле содержит 0. При этом для группового растения сохраняются все отношения в базе данных, что и для единичного, в том числе и на генотип (считается что «групповое растение» это генетически однородная группа растений).

Генотип растения описывается девятью таблицами (рис. 2). Они включают описание сорта растения или линии. Генотип связан с рядом таблиц, описывающих генетические и молекулярные маркеры. Такая привязка позволяет документировать эксперименты на пшенице, направленные на выявление мест локализации генов, контролирующих фенотипические признаки пшеницы, на хромосомных картах.

Фенотип растения в настоящее время описывается 15 таблицами (рис. 3): таблица, описывающая базовые признаки растения (длина стебля, число колосьев, общую урожайность); таблицы, описывающие структуру урожая (главный и вторичные колосья); таблицы, описывающие опушение листа; таблица, описывающая длительность стадий развития растения.

Место произрастания описано двумя таблицами, основная информация в которых содержит название места произрастания, широту, долготу, тип климата, климатические

характеристики (среднегодовую температуру, среднегодовую влажность, средние температуры января и июля) (рис. 4).

Таблица 1. Список таблиц БД WheatPGE

Наименование таблицы	Определение
plant	Описание растения
genotype	Описание генотипа
sort	Описание сорта растения
line	Описание генетической линии
marker_list	Список генетических маркеров
marker	Описание генетического маркера
marker_set	Набор маркеров, идентифицированных для растения
marker_state	Признак маркера
marker_state_list	Список признаков маркера
marker_state_set	Набор состояний маркера
phenotype	Описание фенотипа растения
hairiness_list	Список параметров опушения листа
hairiness	Характеристики опушения
hairiness_set	Набор описаний опушения листа
basic_morphology	Основные признаки морфологии растения
leaf_list	Список листьев
leaf_set	Набор описаний листьев
leaf	Описание листа
ear_list	Список колосьев
ear_set	Набор описаний колосьев
ear	Колос
ear_morphology_list	Список колосьев
ear_morphology_set	Набор описаний морфологии колоса
ear_morphology	Морфология колоса
development	Стадии развития растения
environment	Описание параметров окружающей среды
time_line	Описание шкалы времени для регистрации событий
event_type	Описание события
place	Место произрастания
user	Описание атрибутов пользователя
role	Описание входа в базу
user_role	Описание параметров входа пользователя в базу

Таблица 2. Описание полей таблицы plant (растение)

Наименование атрибута	Тип данных	Краткое описание
id	int(11)	Идентификатор объекта
sowing_number	varchar(16)	Посевной номер
genotype_id	int(11)	Идентификатор генотипа
phenotype_id	int(11)	Идентификатор фенотипа
environment_id	int(11)	Идентификатор окружения
single_plant	int(11)	Уникальное растение или группа
add_user_id	int(11)	Идентификационный номер пользователя, добавившего запись

edit_user_id	int(11)	Идентификационный номер пользователя, редактировавшего запись
date	date	Дата создания
sowing_date	date	Дата посева

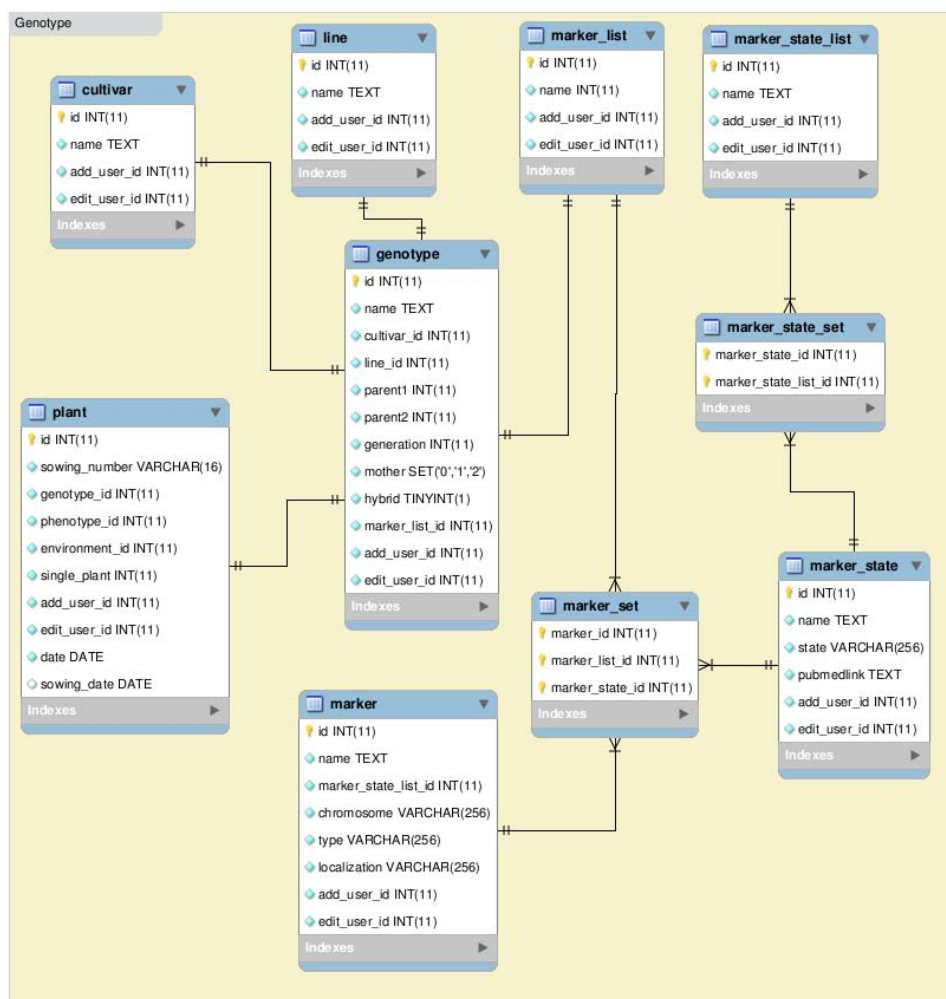


Рис. 2. Таблицы БД WheatPGE и связи между ними, описывающие генотип растения.

Блок информации, связанный с проведением эксперимента, содержит две таблицы (рис. 5), описывающих событие и их список для растения. Событие содержит поле названия, типа и значения.

Блок информации, описывающий данные пользователя, содержит три таблицы с информацией, позволяющей управлять уровнем доступа пользователя к БД WheatPGE (рис. 6).

ТЕХНОЛОГИИ РЕАЛИЗАЦИИ БД WHEATPGE

Функции интеграции базы данных и различных методов массового фенотипирования растений выполняет модуль интерфейса, обеспечивающий взаимодействие пользователя с WheatPGE. Нами использована методология разработки программного обеспечения MVC [19], поддержку которой обеспечивает Catalyst — свободный кроссплатформенный программный каркас для создания web-приложений,

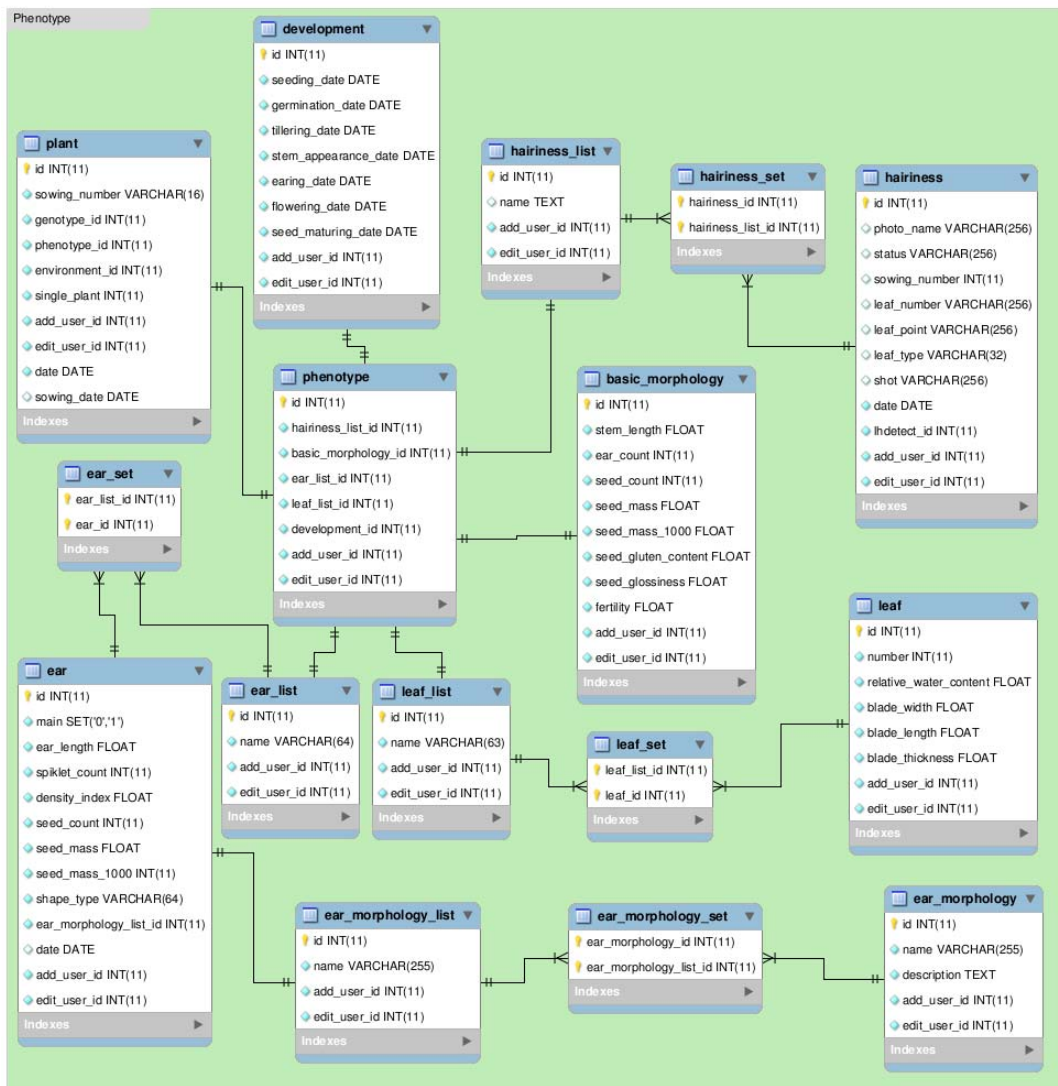


Рис. 3. Таблицы БД WheatPGE и связи между ними, описывающие фенотип растения.

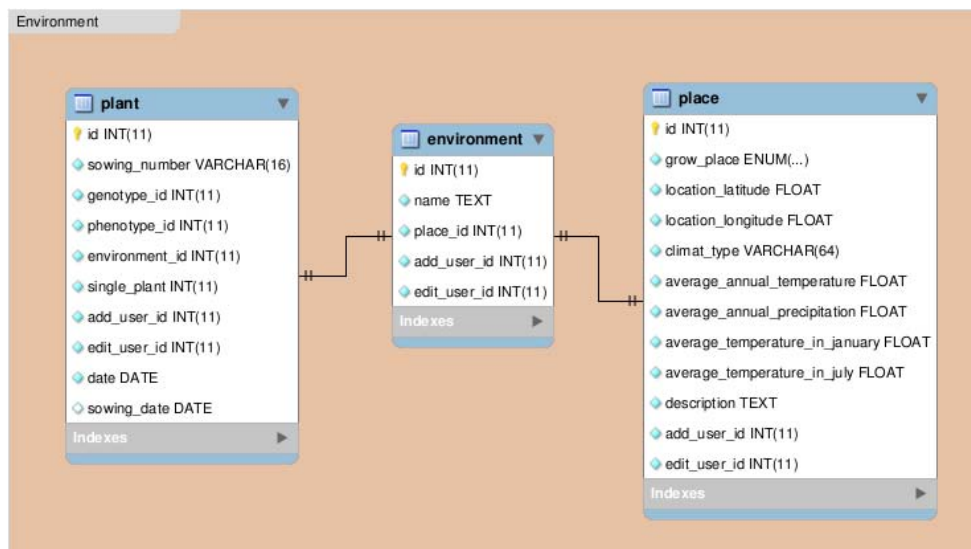


Рис. 4. Таблицы БД WheatPGE и связи между ними, описывающие место произрастания.

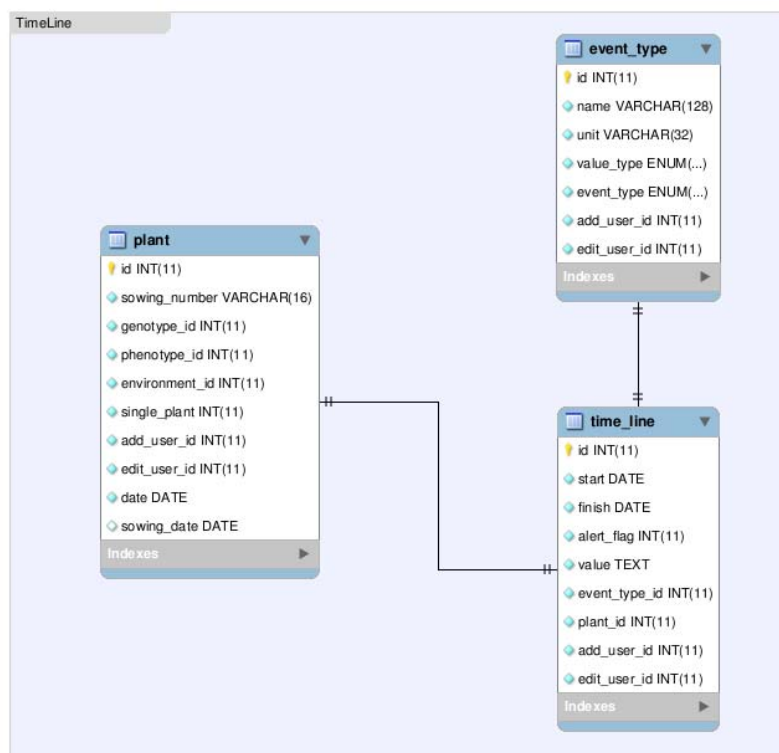


Рис. 5. Таблицы БД WheatPGE и связи между ними, описывающие события в процессе проведения селекционно-генетического эксперимента.

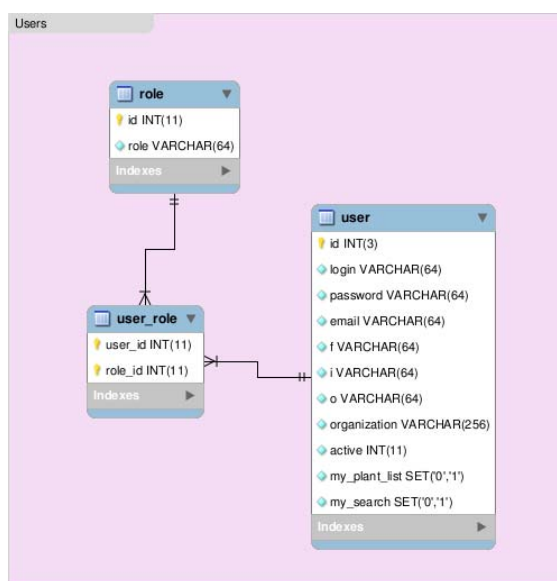


Рис. 6. Таблицы БД WheatPGE и связи между ними, описывающие пользователей.

написанного на языке Perl (<http://www.catalystframework.org/>). MVC разделяет модель данных, пользовательский интерфейс и управляющую логику приложения на три отдельных компонента. В результате модификация одного из компонентов оказывает минимальное воздействие на другие компоненты. Такой подход позволяет добиться существенного снижения трудозатрат при работе со слабоструктурированной предметной областью, какой является биология. Использование этих технических средств позволяет пользователю добавлять в базу произвольные морфологические признаки и параметры окружающей среды без помощи программиста. При этом происходит автоматическое расширение схемы базы данных, создается новая модель,

описывающая объекты этого признака. Генерируются контроллеры и представления, реализующие базовые возможности работы с признаком (создание, удаление, редактирование).

База WheatPGE хранит описание объектов со сложной структурой. Так, например, объект — генотип состоит из множества подобъектов и, в свою очередь, может являться свойством объекта — растение. Для обеспечения легкого расширения схемы базы данных в случае необходимости и представление в базе данных различных комплексных объектов и отношений между ними будет использована технология реляционной системы управления базой данных (СУБД) в связке с технологиями объектно-реляционного отображения (ORM – object relation mapping). Использование реляционной модели представления данных обеспечит надежность и производительность, а объектное представление обеспечивает эффективный доступ к данным системы. Для объектно-реляционного представления используется библиотека DBIx (<http://search.cpan.org/dist/DBIx-Class/>), которая обеспечивает работу с базой данных через стандартизованный объектно-ориентированный интерфейс. В качестве СУБД может быть использована любая реляционная СУБД, поддерживаемая DBIx. Мы остановили свой выбор на MySQL 5 которая развернута на сервере баз данных под управлением CentOS Linux.

В процессе визуализации селекционно-генетического эксперимента у пшеницы требуется отображать события, которые хранятся в базе данных, на шкалу времени. Для визуализации шкалы времени в интерфейсе БД WheatPGE используется библиотека Highstock (<http://www.highcharts.com/products/highstock>). Это библиотека графической визуализации информации, которая зависит от времени (графики, события и т. п.). Она является свободной для некоммерческого использования. Библиотека разработана с использованием языка JavaScript и работает в любом современном интернет браузере, в том числе и на мобильных устройствах.

МОДУЛЬ ИНТЕРФЕЙСА БАЗЫ ДАННЫХ WheatPGE

Главная страница базы данных WheatPGE располагается по адресу <http://wheatdb.org/rus/>. Она содержит краткую информацию о базе данных, ссылки для входа в систему или регистрации, ссылки на основные блоки информации в этой базе данных (рис. 7).



Рис. 7. Главная страница БД WheatPGE.

Sowing number, date and type of plant	Phenotype	Genotype	Environment	Action
<input type="checkbox"/> 1, 2012-04-27, group		Albidum_3700		<ul style="list-style-type: none"> • Get QR code • Delete plant • Environment selection • Genotype selection • Add hairiness images • Set basic morphological traits • Add ears • Add leaf • Set development stages
<input type="checkbox"/> 1000, 2012-03-19, single	<ul style="list-style-type: none"> • Ear (id 87) • Basic morphological traits 			<ul style="list-style-type: none"> • Get QR code • Delete plant • Environment selection • Genotype selection • Add hairiness images • Set basic morphological traits • Add ears • Add leaf • Set development stages
<input type="checkbox"/> 1024, 2012-04-24, single	<ul style="list-style-type: none"> • Basic morphological traits 	Balaganka	<ul style="list-style-type: none"> • Grow place: field 	<ul style="list-style-type: none"> • Get QR code • Delete plant • Environment selection • Genotype selection • Add hairiness images • Set basic morphological traits • Add ears • Add leaf • Set development stages
<input type="checkbox"/> 1026, 2012-04-24, single	<ul style="list-style-type: none"> • Basic morphological traits 	Test genotype	<ul style="list-style-type: none"> • Grow place: field 	<ul style="list-style-type: none"> • Get QR code • Delete plant • Environment selection • Genotype selection • Add hairiness images • Set basic morphological traits • Add ears • Add leaf • Set development stages

Рис. 8. Визуализация списка растений, заведенных пользователем.

Для того чтобы просмотреть список растений, информация о которых доступна в базе, необходимо с главной страницы перейти по ссылке «Растения». После этого осуществляется переход на страницу списка растений (рис. 8). На этой странице отображается информация о растениях в виде таблицы. Информация различного типа (фенотипические признаки, информация о месте произрастания, генотипе) располагается в разных колонках таблицы и доступна по соответствующим гиперссылкам. В крайней правой колонке доступны ссылки для добавления (редактирования) информации о генотипе, фенотипе, месте произрастания. Для каждого растения приводятся ссылки на его QR-код (см. ниже раздел РАБОТА С МОБИЛЬНЫМИ УСТРОЙСТВАМИ) и ссылка для удаления растения из базы данных. Ряд операций доступен для нескольких растений одновременно. Для этого их нужно отметить галочкой слева и внизу страницы выбрать одну из возможных кнопок.

Пользователь может добавить информацию о растении в базу данных. Пример операций по созданию нового растения и занесения информации о его фенотипе – свойствах колоса – приведен на рис. 9. Вначале нужно перейти с главной страницы базы по ссылке «Аннотировать растение!» на страницу добавления растения. Появится страница создания новой записи «plant», на которой нужно указать его посевной номер и дату посева.

После нажатия кнопки «Create» осуществляется создание нового растения и переход на страницу его аннотации. На этой странице можно выбрать несколько основных операций: выбрать генотип для растения, выбрать место произрастания, добавить базовые морфологические признаки, признаки урожайности, опушения листа и др. Выбор этих операций осуществляется переходом по соответствующим гиперссылкам, указанным на этой странице. Таким образом, система позволяет вносить информацию о растении и его признаках в базу данных.

Интерфейс базы данных позволяет осуществлять поиск информации о растениях. Для этого необходимо с главной страницы перейти по ссылке «Search» в меню верхнего уровня. При этом откроется страница запроса, показанная на рис. 10.



Рис. 9. Добавление информации о растении и его базовых фенотипических признаках.



Рис. 10. Поиск и экспорт информации из БД WheatPGE.

На этой странице необходимо ввести в одно из полей или в несколько полей базы данных термины для запроса и нажать кнопку «Search». После этого под панелью запроса появится список растений, удовлетворяющих условию запроса. Информацию о признаках растения можно сохранить в CSV файле, нажав на кнопку «Export to CSV» в верхнем правом углу страницы. При этом появится панель выбора полей базы данных для сохранения. Пользователь может отобразить поля, отметив их галочкой. После нажатия кнопки «Export» на этой панели, система предложит файл на сохранение.



Рис. 11. Примеры отображения событий на шкале времени. В левом верхнем углу - монитор погоды на поле вблизи ИЦиГ СО РАН. В правом нижнем углу – отображение результатов измерения длины стебля растения.

Примеры отображения событий на шкале времени приведены на рис. 11. На нем представлены визуализации информации температуры и влажности с датчика, установленного вблизи поля ИЦиГ СО РАН, а так же результаты измерения длины стебля для одного из растений в процессе его роста.

РАБОТА С МОБИЛЬНЫМИ УСТРОЙСТВАМИ

В настоящее время мобильные устройства (планшетные компьютеры и смартфоны) обеспечивают доступ в Интернет практически из любой точки страны. Это позволяет использовать их для ввода данных в базу WheatPGE в полевых условиях, что позволит существенно ускорить процесс сбора данных о фенотипических характеристиках растений. Для удобства взаимодействия с базой данных при идентификации растений мы используем систему QR кодов (<http://www.qrcode.com/index-e.html>). QR-код является матричным (двумерным) штрих-кодом, который может быть сканирован камерой мобильного устройства. Информация, которую он содержит, может содержать до 4296 символов цифр и букв, что достаточно для описания доступа к растению в нашей базе по ссылке [http](http://www.wheatpge.org). QR-код присваивается в нашей базе каждому растению (см. рис. 8), может быть распечатан на плотной бумаге и прикреплен к его стеблю. В дальнейшем при измерении параметров растения в процессе эксперимента достаточно

считать этот код, открыть в браузере ссылку для этого растения и занести параметры в базу (рис. 12).

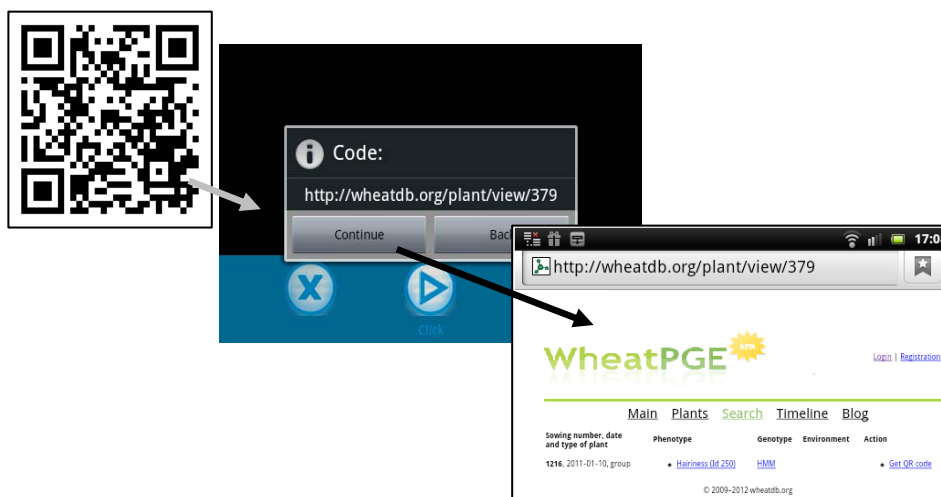


Рис. 12. Пример QR кода, который содержит ссылку на растение в БД WheatPGE, результат считывания QR кода мобильным устройством под управлением ОС Android в программе NeoReader и переход по ссылке на страницу записи соответствующего растения.

Таким образом, интерфейс БД WheatPGE позволяет сохранять информацию об измерениях фенотипов растений в ходе эксперимента непосредственно в базу данных как со стационарного компьютера в лаборатории, так и в поле, минуя записи в журналах.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Разработанная БД WheatPGE является не только хранилищем данных о фенотипе, генотипе различных сортов и линий пшеницы, а так же условиях их произрастания, но и обеспечивает интерфейс для сбора этих данных в процессе селекционно-генетического эксперимента. Структура базы обеспечивает интеграцию этих данных, поиск информации и ее извлечение в формате, удобном для дальнейшей статистической обработки. Это позволяет экспериментатору затрачивать меньше времени на сбор данных, обеспечивает их сохранность, доступ к данным в любой момент времени.

Работа поддержана грантом Министерства образования и науки РФ в рамках ФЦП «Исследования и разработки по приоритетным направлениям развития научно-технологического комплекса России на 2007-2013 гг.» (07.514.11.4052). Описанная в работе БД WheatPGE является модулем БWPGE информационного портала «Биотехнологии растений», разработанного в рамках данного проекта.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Houle D., Govindaraju D.R., Omholt S. Phenomics: the next challenge. *Nat. Rev. Genet.* 2010. V. 11. № 12. P. 855–866.
2. Benfey P.N., Mitchell-Olds T. From genotype to phenotype: systems biology meets natural variation. *Science.* 2008. V. 320. № 5875. P. 495–497.
3. Ajjawi I., Lu Y., Savage L.J., Bell S.M., Last R.L. Large-scale reverse genetics in Arabidopsis: case studies from the Chloroplast 2010 Project. *Plant Physiol.* 2010. V. 152. № 2. P. 529–540.

4. Brachi B., Faure N., Horton M., Flahauw E., Vazquez A., Nordborg M., Bergelson J., Cuguen J., Roux F. Linkage and association mapping of *Arabidopsis thaliana* flowering time in nature. *PLoS Genet.* 2010. V. 6. № 5. P. e1000940.
5. Eberius M., Lima-Guerra J. High-throughput plant phenotyping – data acquisition, transformation, and analysis. In *Bioinformatics: Tools and Applications*. Ed. D. Edwards et al. Springer Science+Business Media, LLC, 2009. P. 259–278.
6. Hartmann A., Czauderna T., Hoffmann R., Stein N., Schreiber F. HTPPheno: an image analysis pipeline for high-throughput plant phenotyping. *BMC Bioinformatics.* 2011. V. 12. P. 148.
7. Дорошков А.В., Арсенина С.И., Пшеничникова Т.А., Афонников Д.А. Применение компьютерной обработки изображений микрофотографий листа для анализа опушения пшеницы *Triticum aestivum* L. *Информационный вестник ВОГуС.* 2009. Т. 13. № 1. С. 218–226.
8. Vankadavath R.N., Hussain A.J., Bodanapu R., Kharshiing E., Basha P.O., Gupta S., Sreelakshmi Y., Sharma R. Computer aided data acquisition tool for high-throughput phenotyping of plant populations. *Plant Methods.* 2009. V. 5. P. 18.
9. Joosen R.V., Kodde J., Willems L.A., Ligterink W., van der Plas L.H., Hilhorst H.W. GERMINATOR: a software package for high-throughput scoring and curve fitting of *Arabidopsis* seed germination. *Plant J.* 2010. V. 62. № 1. P. 148–159.
10. Lu Y., Savage L.J., Larson M.D., Wilkerson C.G., Last R.L. Chloroplast 2010: a database for large-scale phenotypic screening of *Arabidopsis* mutants. *Plant Physiol.* 2011. V. 155. № 4. P. 1589–1600.
11. Fabre J., Dauzat M., Nègre V., Wuyts N., Tireau A., Gennari E., Neveu P., Tisné S., Massonnet C., Hummel I., Granier C. PHENOPSIS DB: an information system for *Arabidopsis thaliana* phenotypic data in an environmental context. *BMC Plant Biol.* 2011. V. 11. P. 77.
12. Thorisson G.A., Muilu J., Brookes A.J. Genotype-phenotype databases: challenges and solutions for the post-genomic era. *Nat Rev Genet.* 2009. V. 10. № 1. P. 9–18.
13. Antofie A., Lateur M., Oger R., Patocchi A., Durel C.E., Van de Weg W.E. A new versatile database created for geneticists and breeders to link molecular and phenotypic data in perennial crops: the AppleBreed DataBase. *Bioinformatics.* 2007. V. 23. № 7. P. 882–891.
14. Milc J., Sala A., Bergamaschi S., Pecchioni N. A genotypic and phenotypic information source for marker-assisted selection of cereals: the CEREALAB database. *Database.* 2012. V. 2011. P. baq038. doi:10.1093/database/baq038.
15. Carollo V., Matthews D.E., Lazo G.R., Blake T.K., Hummel D.D., Lui N., Hane D.L., Anderson O.D. GrainGenes 2.0. An improved resource for the small-grains community. *Plant Physiol.* 2005. V. 139. № 2. P. 643–651.
16. Sakurai T., Kondou Y., Akiyama K., Kurotani A., Higuchi M., Ichikawa T., Kuroda H., Kusano M., Mori M., Saitou T., Sakakibara H, Sugano S, Suzuki M, Takahashi H, Takahashi S, Takatsuji H, Yokotani N, Yoshizumi T, Saito K, Shinozaki K, Oda K, Hirochika H, Matsui M. RiceFOX: a database of *Arabidopsis* mutant lines overexpressing rice full-length cDNA that contains a wide range of trait information to facilitate analysis of gene function. *Plant Cell Physiol.* 2011. V. 52. № 2. P. 265–273.
17. Jung S., Menda N., Redmond S., Buels R.M., Friesen M., Bendana Y., Sanderson L.A., Lapp H., Lee T., MacCallum B., Bett K.E., Cain S., Clements D., Mueller L.A., Main D. The Chado Natural Diversity module: a new generic database schema for large-scale phenotyping and genotyping data. *Database.* 2011. V. 2011. P. bar051.
18. Генаев, М.А., Дорошков А.В., Морозова Е.В., Пшеничникова Т.А., Афонников Д.А. Компьютерная система WheatPGE для анализа взаимосвязи фенотип–генотип–окружающая среда у пшеницы. *Вавиловский журнал генетики и селекции.* 2011. Т. 15. № 4. 784–793.

19. Рогачев С. Обобщенный Model-View-Controller. URL: <http://rdsn.ru/article/patterns/generic-mvc.xml> (дата обращения: 23.07.2012).

Материал поступил в редакцию 16.07.2012, опубликован 26.07.2012.