

DOI: 10.55505/SA.2025.2.02
UDC: 633.15:631.527.51



ЦИФРОВАЯ ТЕХНОЛОГИЯ ИДЕНТИФИКАЦИИ СХОДСТВА И РАЗЛИЧИЙ МЕЖДУ ЛИНИЯМИ КУКУРУЗЫ НА ОСНОВЕ ОСОБЕННОСТЕЙ ПОЛИМОРФИЗМА БЕЛКА

Галина КОМАРОВА*, ORCID: 0009-0001-0063-4586,
Аркадий АДАМЧУК, ORCID: 0009-0006-4080-8292,
Евгений РОТАРЬ, ORCID: 0009-0007-8171-8100,
Григорий БАТЫРУ, ORCID: 0000-0003-4585-6294

Технический Университет Молдовы, Республика Молдова

*Corresponding author: Галина КОМАРОВА - e-mail: galina.comarova@am.utm.md

Abstract. The article presents the fundamental principles for developing a digital technology algorithm aimed at identifying similarities and differences between maize lines at the level of polymorphism of the maize endosperm storage protein – zein. The proposed technology is based on a comparative analysis of two homozygous genotypes, followed by their inclusion in a reciprocal hybridization scheme through automatic synthesis according to the genetic principle of codominance. The main methodological tool used in this study is the FOREZ-2 software program. The parameters for interpreting the specificity of protein polymorphism, proposed for the comparative identification of homozygous maize genotypes, are analyzed in detail. The paper describes in depth the technology for modeling direct and reverse computer-based test crossings to reveal genetic differences between the analyzed maize lines at the level of protein polymorphism specificity, according to the interpretation parameter “molecular forms of zein.” At the same time, it is established that, for evaluating similarity between the compared lines, the interpretation of electrophoretic spectra can be limited to the quantitative characteristics of “zein peptide subunits” (ZPS). It is shown that the main interpretation parameter of similarity is the “total area of ZPS” identical for reciprocal hybrid combinations. In conclusion, an algorithm of digital technology is proposed for identifying similarities and differences between homozygous maize genotypes based on zein polymorphism specificity. According to the authors, the proposed algorithm can be recommended as a universal tool for processing experimental electrophoretic data in the fields of maize heterosis breeding, spontaneous and artificial mutagenesis, as well as for evaluating new forms of *Zea mays* L. obtained through biotechnological methods.

Keywords: *Maize; Homozygous lines; Protein polymorphism; Computer modeling; Digital technology algorithm.*

Реферат. В статье изложены основные принципы формирования алгоритма цифровой технологии идентификации сходства и различия между линиями кукурузы на уровне полиморфизма запасного белка эндосперма кукурузы – зеина. Предложенная технология базируется на проведении сравнительного анализа двух сопоставляемых гомозиготных генотипов с их последующим включением в схему реципрокного гибридного комбинирования на основе их автоматического синтеза по генетическому принципу кодоминирования. В качестве основного методологического инструмента в работе использована программа FOREZ-2. Подробно проана-

лизированы параметры интерпретации специфики полиморфизма белка, предложенные для сравнительной идентификации гомозиготных генотипов кукурузы. Детально изложена технология моделирования прямого и обратного компьютерного тест скрещивания с целью выявления генетических различий между анализируемыми линиями кукурузы на уровне специфики полиморфизма белков по параметру интерпретации «молекулярные формы зеина». В то же время для оценки сходства между сопоставляемыми линиями установлено, что интерпретацию ЭФ спектров можно ограничить количественными характеристиками «пептидных субъективных зеина» (ПСЗ). Причем показано, что главным параметром интерпретации сходства является «общая площадь ПСЗ», идентичных для реципрокных гибридных комбинаций. В заключении, предложен алгоритм цифровой технологии идентификации сходства и различий между гомозиготными генотипами кукурузы по специфике полиморфизма зеина. По мнению авторов, предложенный алгоритм следует рекомендовать в качестве универсального инструмента, который можно использовать для обработки экспериментальных ЭФ-ских данных в области гетерозисной селекции кукурузы, спонтанного и искусственного мутагенеза, а также для оценки новых форм *Zea mays L.*, полученных на основе биотехнологических методов.

Ключевые слова: *Кукуруза; Гомозиготные линии; Полиморфизм белков; Компьютерное моделирование; Алгоритм цифровой технологии.*

ВВЕДЕНИЕ

В гетерозисной селекции кукуруза рассматривается как модельный объект, с помощью которого были разработаны и усовершенствованы методы, применяемые в настоящее время при селекции многих других культур. Эффективность работы с кукурузой ярко демонстрируется результативностью её практического использования в селекционном процессе. Производство гибридов стало основным методом получения высоких урожаев этой культуры.

Осуществление успешного гибридного семеноводства кукурузы предусматривает использование постоянного генетического прогресса в методологии селекционных исследований. Поэтому современная селекция кукурузы, направленная на получение гетерозисных гибридов, фокусируется на нескольких ключевых методических подходах (Gribinsea, 2021; Bhat et al., 2024; Vocianowski et al., 2023; Fuyan et al., 2023):

1. *подбор родительских компонентов*, при котором основное внимание уделяется генетической дивергенции (различиям) между родительскими линиями;
2. *оценка комбинационной способности* – методологический подход, применяемый для выявления наиболее перспективных родительских пар путем оценки комбинационной способности на организменном уровне комплекса хозяйственно-ценных признаков, среди которых ведущими являются показатели продуктивности создаваемых экспериментально гибридных комбинаций;
3. *использование молекулярно-генетических методов*, благодаря которым на современном этапе селекции активно применяются молекулярные маркеры:
 - для ускоренной идентификации генетической принадлежности линий к различным гетерозисным группам и выявления наиболее перспективных для скрещивания;
 - для прогнозирования гетерозиса на ранних стадиях селекции, сокращая время и затраты.

Однако, в реальной селекционной практике до сих пор прослеживается определенный разрыв между результативным анализом продуктивности гетерозисных групп кукурузы и идентификацией генома на уровне молекулярных и белковых маркеров. Недостаточно изучен вопрос о возможностях использования методов молекулярного маркирования для оценки генетических различий внутри каждой из гетерозисных групп кукурузы, а также отличий между этими группами на уровне нуклеотидных последовательностей ДНК или молекул белка.

В то же время в аспекте гибридного семеноводства кукурузы следует привести успешный пример эффективного использования результатов молекулярно-биохимических исследований полиморфизма запасных белков эндосперма семян кукурузы для создания в цифровом формате каталога электрофоретических (ЭФ) паспортов гибридов кукурузы и их родительских форм. Системный подход к созданию алгоритма получения (ЭФ) паспортов в цифровом формате и разработка рекомендаций по их углублённому научному анализу позволяют констатировать, что проведённые новые методические разработки расширяют границы интерпретации результатов изучения полиморфизма запасного белка эндосперма кукурузы и для гетерозисной селекции этой культуры (Batîru et al., 2023).

Общепризнано, что для гетерозисной селекции кукурузы крайне важно на первом этапе селекционного процесса иметь информацию о сходствах и различиях между гетерозисными группами кукурузы на основе показателей продуктивности, с помощью которых успешно осуществляется классификация линий кукурузы по степени родства (Troyer & Rocheford, 2002; Musteața, 2008). Использование молекулярно-биохимических характеристик полиморфизма запасного белка эндосперма кукурузы (зеина) требует специфической интерпретации для каждой изучаемой гетерозисной группы.

Следовательно, прежде чем приступать к массовому скринингу особенностей полиморфизма зеина на репрезентативных выборках гетерозисных групп кукурузы, необходимо разработать технологию оптимальной оценки генетического сходства и различий между сравниваемыми линиями кукурузы на основе анализа электрофоретических спектров белка. Цель настоящей работы заключается в разработке указанной технологии.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Для реализации поставленной цели в качестве основного методологического инструмента использовалась «Программа FOREZ-2» (Adamciuc et al., 2022), представляющая собой модифицированную версию базовой программы FOREZ (Комарова и др., 2003).

В качестве модельных объектов для апробации предлагаемой цифровой технологии были выбраны белковые профили самоопылённых линий кукурузы, полученные из Банка электрофоретических паспортов запасного белка семян кукурузы – зеина, созданного в период 2007–2009 годов в лаборатории биохимии, физиологии и молекулярных технологий Научно-практического Центра «Порумбень» (в настоящее время правопреемником указанного Центра является Национальный Центр исследований и производства семян Республики Молдова).

Были отобраны ЭФ спектры 10 линий кукурузы, представляющих гетерозисную группу BSSS-B37, а также соответствующий этой группе ЭФ паспорт зеина базисной линии-индикатора D27. Отобранные белковые профили этих 11 линий, созданные по базовой программе FOREZ (Комарова и др., 2003) и включённые в Банк ЭФ спектров 2007–2009 гг., были преобразованы в новые электрофоретические паспорта в

соответствии с алгоритмом формирования ЭФ паспортов по модифицированной версии 2022 года – «Программа FOREZ-2» (Adamciuc et al., 2022).

Преобразованные по алгоритму программы «FOREZ-2» ЭФ паспорта зеина 11 отобранных генотипов были включены в новый Банк ЭФ спектров зеина линий и гибридов кукурузы 2022 года.

Для подробной характеристики возможностей предлагаемой технологии оценки генетического сходства и различий между сравниваемыми линиями кукурузы на основе анализа электрофоретических спектров белка из указанной выборки были выбраны две линии из гетерозисной группы BSSS-B37: линия BS11 и линия-индикатор D27 этой группы.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЯ

Часть 1. Методологический принцип разрабатываемой технологии

Разработка предлагаемой технологии ориентирована на общепринятый методологический принцип «единственного различия». Соответственно, проверка рабочей гипотезы проводится по схеме: сравнение опыта с контролем. В селекционно-генетических исследованиях специфика этой схемы выражается в сравнении двух генотипов, один из которых является опытным (испытуемым) образцом, а другой – генотипом-маркером. Такой экспериментальный подход, независимо от уровня исследования (от молекулярного до популяционного), является общепринятым.

Правомерность данного утверждения можно наглядно продемонстрировать многолетним анализом результатов изучения полиморфизма растительных белков, в частности, запасного белка эндосперма кукурузы – зеина. По данным литературы (Batîru et al., 2023), в методологии интерпретации электрофоретических (ЭФ) спектров зеина различных генотипов кукурузы основным инструментом для экспресс-оценки наличия или отсутствия молекулярных форм зеина (МФЗ) у анализируемых образцов является их сравнительный визуальный анализ с сопутствующим количественным подсчётом составляющих ЭФ-зон и их относительной ЭФ-подвижности (rf).

Учитывая специфику интерпретации результатов селекционно-генетических исследований, формирование алгоритма разрабатываемой технологии предусматривает проведение сравнительного анализа двух сопоставляемых генотипов с последующим включением их в схему гибридного комбинирования на основе автоматического синтеза по генетическому принципу кодминирования.

В качестве конкретных моделей, позволяющих оптимизировать понимание предложенной технологии, в работе использованы следующие два генотипа:

- опытная самоопылённая линия BS11 из гетерозисной группы BSSS-B37 (условно обозначаемая как линия А);
- базисная линия-индикатор этой гетерозисной группы – D27 (условно обозначаемая как линия В).

Автоматический синтез гибридных комбинаций этих двух линий предусматривает два варианта скрещивания:

- DIR – моделирование прямого скрещивания: (АхВ);
- INV – моделирование обратного скрещивания: (ВхА).

Часть 2. Параметры интерпретации специфики полиморфизма белка, используемые для сравнительной идентификации гомозиготных генотипов кукурузы

Компьютерное преобразование ЭФ паспортов зеина двух сравниваемых линий BS11 и D27, в соответствии с программой «FOREZ-2», позволило расширить количественные характеристики белковых профилей этих линий и их гибридных комбинаций по следующим 3-м позициям.

- Позиция 1. Цифровая обработка ЭФ-спектров по двум показателям –
- по количеству зон пептидных субъединиц зеина (ПСЗ);
 - по величине площади (ширине) каждой из этих зон ПСЗ.

Линия А: BS11			Линия В: D 27			Гибридная комбинация (А x В)		
rf_{fin}	rf_{fin}	$[rf_{fin}-rf_{in}]$	rf_{fin}	rf_{fin}	$[rf_{fin}-rf_{in}]$	rf_{fin}	rf_{fin}	$[rf_{fin}-rf_{in}]$
# 29.00;	30.00;	1.00	# 29.00;	30.00;	1.00	29.00;	30.00;	1.00
# 33.00;	33.00;	0.80	# 32.00;	32.80;	0.80	32.00;	32.80;	0.80
# 36.00;	39.00;	3.00	# 35.00;	38.00;	3.00	33.00;	33.80;	0.80
# 42.00;	48.00;	6.00	# 41.00;	48.00;	7.00	35.00;	39.00;	4.00
# 52.00;	55.00;	3.00	# 49.00;	51.80;	2.80	41.00;	48.00;	7.00
# 59.00;	60.00;	1.00	# 53.00;	56.00;	3.00	49.00;	51.80;	2.80
# 76.00;	78.00;	2.00	# 59.00;	60.00;	1.00	52.00;	56.00;	4.00
# 89.00;	90.00;	1.00	# 62.00;	65.00;	3.00	59.00;	60.00;	1.00
			# 73.00;	77.00;	4.00	62.00;	65.00;	3.00
			# 88.00;	89.00;	1.00	73.00;	78.00;	5.00
						88.00;	90.00;	2.00
# nr.SPZ total = 8			# nr.SPZ total = 10			# nr.SPZ total = 11		
# ar-M.SPZ total = 17.80			# ar-P.SPZ total = 26.60			# ar-M.SPZ total = 31,40		

Рисунок 1. Результаты компьютерной обработки общих зеиновых спектров сопоставляемых линий и их гибридной комбинации в соответствии с алгоритмом программы “FOREZ-2”.

На рисунке 1 представлена систематизация указанной цифровой обработки электрофореграмм этих двух линий и их гибридной комбинации.

Для получения возможности более детального анализа проводимого сопоставления цифровые характеристики ЭФ спектров зеина в процессе компьютерной обработки могут быть представлены не только по общему ЭФ-ому спектру зеина (Рисунок 1), но также и по зонам миграции ПСЗ (Рисунок 2), условно расклассифицированные на три зоны по относительной электрофоретической подвижности (rf):

- L -медленной (пределы относительной электрофоретической подвижности - $rf \leq 0,4$);
- M – средней ($0,4 < rf \leq 0,6$);
- R – быстрой ($rf > 0,6$).

Линия А: BS11	Линия В: D 27	Гибридная комбинация (А x В)
# nr.SPZ (zona $rf \leq 40$) = 3	# nr.SPZ (zona $rf \leq 40$) = 3	# nr.SPZ (zona $rf \leq 40$) = 4
# ar-M.SPZ (zona $rf \leq 40$) = 4.80	# ar-M.SPZ (zona $rf \leq 40$) = 4.80	# ar-M.SPZ (zona $rf \leq 40$) = 6.60
# nr.SPZ (zona $40 < rf \leq 60$) = 3	# nr.SPZ (zona $40 < rf \leq 60$) = 4	# nr.SPZ (zona $40 < rf \leq 60$) = 4
# ar-M.SPZ (zona $40 < rf \leq 60$) = 10.00	# ar-M.SPZ (zona $40 < rf \leq 60$) = 13.80	# ar-M.SPZ (zona $40 < rf \leq 60$) = 14.80
# nr.SPZ (zona $rf > 60$) = 2	# nr.SPZ ($rf > 60$) = 3	# nr.SPZ (zona $rf > 60$) = 3
# ar-M.SPZ (zona $rf > 60$) = 3.00	# ar-M.SPZ ($rf > 60$) = 8.00	# ar-M.SPZ (zona $rf > 60$) = 10.00

Рисунок 2. Текстовая документация компьютерной обработки зеиновых спектров сопоставляемых линий и их гибридной комбинации по зонам миграции ПСЗ в соответствии с алгоритмом программы “FOREZ-2”

Позиция 2. Экстраполяция полученных цифровых показателей в электрофоретические матрицы двух типов: по пептидным субъединицам зеина (Рисунок 3, I-ПСЗ) и ЭФ матрицам второго типа, в которых каждая пептидная субъединица зеина представлена совокупностью молекулярных форм зеина (МФЗ) – (Рисунок 3, II - МФЗ).

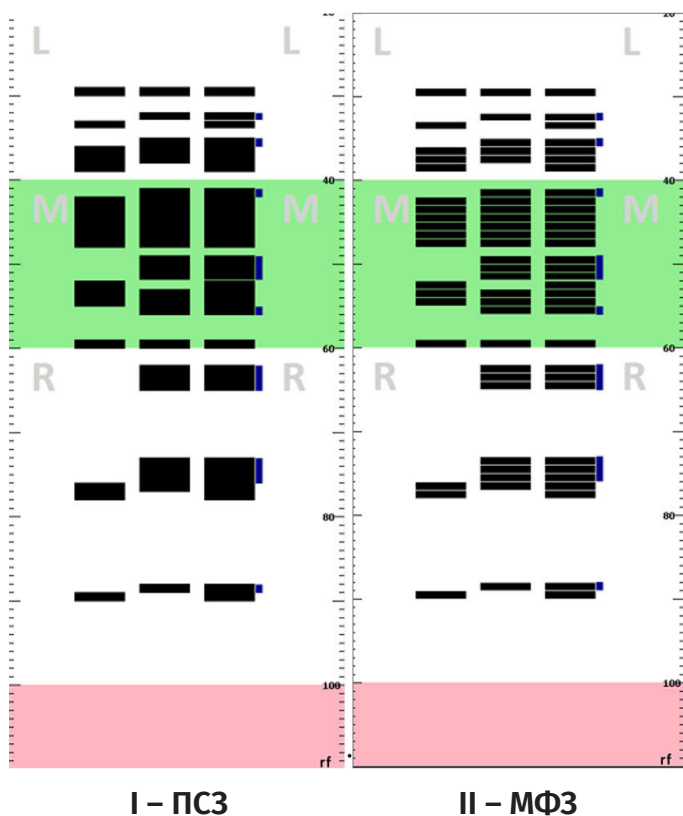


Рисунок 3. Матрицы электрофореграмм зеиновых спектров сопоставляемых линий и их гибридной комбинации в соответствии с алгоритмом программы “FOREZ-2”:
 I – ПСЗ – матрицы, характеризующие электрофореграммы по пептидным субъединицам зеина;
 II – МФЗ – матрицы, характеризующие электрофореграммы по молекулярным формам зеина.

Условные обозначения к рисункам 3 – 6:
 - маркеры по МФЗ;
 - rf – относительная электрофоретическая подвижность

Сопоставление представленных двух групп матриц указывает на то, что именно по ЭФ матрицам второго типа можно выявлять маркерные молекулярные формы зеина, определяющие роль отцовской формы в создаваемой гибридной комбинации. Анализ представленных на рисунке 3 матриц позволяет заключить, что из 11 пептидных субъединиц зеина (Рисунок 3, I – ПСЗ), характеризующих общий ЭФ спектр гибридной комбинации линий [А x В], роль отцовской линии определяют 8 маркерных зон, которые состоят из 14 молекулярных форм зеина (обозначенные символом синего геометрического прямоугольника – Рисунок 3, II – МФЗ).

Именно использование II-типа параметров интерпретации ЭФ-ой матрицы – МФЗ (молекулярных форм зеина) – расширяет спектр количественных характеристик ЭФ спектров зеина. Появляется возможность определения «процентной суммарной доли выявляемых маркерных зон от общей площади пептидных субъединиц зеина (% мзМФЗ от ΣS ПСЗ). В этой связи важно учитывать, что использование параметра «общей площади пептидных субъединиц зеина» (ΣS ПСЗ) предусматривает понимание его идентичности с общей площадью всей совокупности составляющих ПСЗ – молекулярных форм зеина общего ЭФ спектра белкового профиля соответствующего генотипа.

Позиция 3. Систематизация полученных количественных характеристик ЭФ-ких спектров зеина сравниваемых линий по двум параметрам интерпретации: ПСЗ и МФЗ (Таблица 1). Как следует из таблицы 1, общая площадь пептидных субъединиц зеина идентична общей площади всей совокупности молекулярных форм зеина (МФЗ), составляющих ПСЗ общего ЭФ спектра белкового профиля соответствующего генотипа. Таким образом, обсуждение специфики полиморфизма белка по параметру общей площади пептидных субъединиц зеина (ПСЗ), каждая из которых характеризуется определенной совокупностью МФЗ, подразумевает взаимозаменяемость и идентичность их интерпретации (Таблица 1).

Таблица 1. Количественные характеристики ЭФ спектров зеина сравниваемых линий А (BS 11) и В (D27)

№ параметра	Наименование количественного показателя ЭФ спектра зеина	Наименование линии	Общий ЭФ спектр	По зонам миграции (rf)		
				rf ≤ 0,4 (L)	0,4 < rf ≤ 0,6 (M)	rf > 0,6 (R)
1	Общее кол-во пептидных субъединиц зеина (Σ N ПСЗ)	BS 11 - линия А	8	3	3	2
		D27 - линия В	10	3	4	3
2	Общее кол-во молекулярных форм зеина (Σ N МФЗ)	BS 11 - линия А	18	5	10	3
		D27 - линия В	27	5	14	8
3	Общая площадь ПСЗ (МФЗ) (ΣS ПСЗ) = (ΣS МФЗ)	BS 11 - линия А	17,80	4,80	10,00	3,00
		D27 - линия В	26,60	4,80	13,80	8,00

Часть 3. Технология выявления генетических различий между анализируемыми линиями кукурузы по белковым маркерам

Использование новой версии программы "FOREZ-2" позволило предложить цифровую технологию проведения сравнительного анализа ЭФ спектров белка контрастных генотипов кукурузы с целью выявления их индивидуальных генетических различий по белковым профилям зеина.

Основная идея этой технической манипуляции состоит в автоматическом реципрокном синтезе двух сравниваемых ЭФ спектров скрещиваемых линий с последующим выявлением в цифровом спектре гибридной комбинации соответствующих белковых маркеров (Comarova, 2025).

Была апробирована следующая техника реализации предложенной идеи:

1. включение в базу данных программы FOREZ-2 расчетных формул ЭФ спектров двух сравниваемых генотипов: испытуемой линии А и линии-контроля В;
2. автоматический синтез двух вариантов ЭФ спектров гибридных комбинаций из этих двух сравниваемых генотипов - в соответствии с принципом прямого (DIR) и обратного (INV) моделирования;
3. в результате цифрового *реципрочного синтеза* формул этих двух сравниваемых линий, на панель выводится гибридная ЭФ матрица (DIR), на которой автоматически отмечаются маркеры эффекта элиминации МФЗ линии-контроля в ЭФ спектре испытуемой линии, а также гибридная ЭФ матрица (INV), на которой автоматически обозначаются маркеры эффекта обогащения белковых профилей зеина испытуемой линии, т.е. появления новых для контрольной линии МФЗ, определяющих генетическое отличие испытуемой линии от линии-контроля.

Для лучшего понимания предложенной манипуляции рассмотрим этот алгоритм на примере идентификации различий в полиморфизме белка между обсуждаемыми линиями: BS11 (линия А) и D27(линия В).

На рисунке 4 представлены матрицы ЭФ паспортов реципрокных гибридных комбинаций (DIR/INV) двух сопоставляемых линий - BS11 (линия А) и D27 (линия В). Также в эти рисунки включена частичная текстовая документация компьютерной обработки этих матриц, позволяющая проводить цифровую интерпретацию количественных характеристик анализируемых ЭФ спектров: по общему ЭФ спектру и по зонам миграции.

Для каждой реципрокной гибридной комбинации обсуждаемых линий (DIR/INV), может быть получена информация по шести количественным характеристикам ПСЗ и их составляющих – МФЗ, систематизированных в таблице 2.

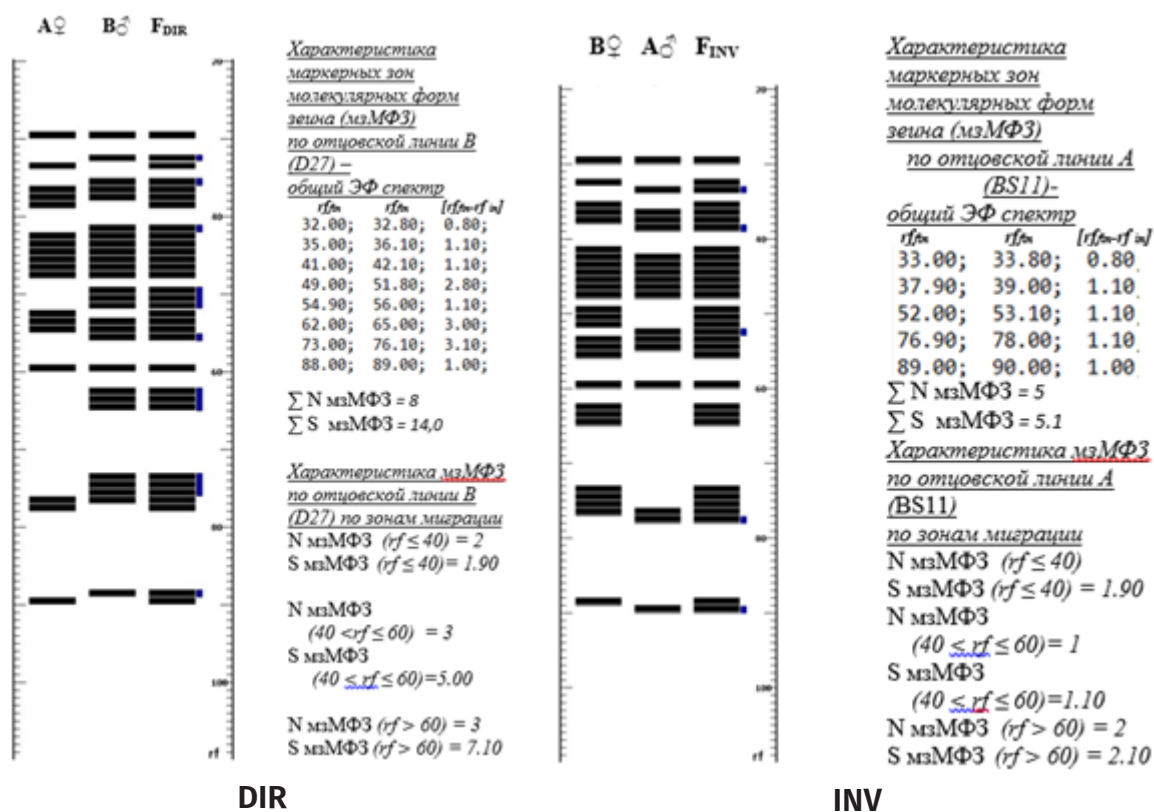


Рисунок 4. Моделирование прямого и обратного компьютерного тест скрещивания линий кукурузы A и B.

DIR - Электрофоретический паспорт прямой гибридной комбинации кукурузы [BS11 x D27] и компьютерная обработка характеристик маркерных зон молекулярных форм зеина (мзМФЗ), определяющих роль отцовской формы B.

INV - Электрофоретический паспорт обратной гибридной комбинации кукурузы - [BS11 x D27] и компьютерная обработка характеристик маркерных зон молекулярных форм зеина (мзМФЗ), определяющих роль отцовской формы A.

На примере прямого (DIR) и обратного (INV) скрещиваний линий кукурузы A и B, количественные характеристики белковых профилей синтезируемых гибридных комбинаций, представленные в таблице 2, существенно различаются:

- по общему кол-ву маркерных молекулярных форм зеина (ΣN мМФЗ);
- по общему кол-ву маркерных зон молекулярных форм зеина (ΣN мзМФЗ);
- по их общей площади (ΣS мзМФЗ) и, соответственно,
- процентной суммарной доли этих маркерных зон от общей площади пептидных субъединиц зеина общего ЭФ спектра (% мзМФЗ от ΣS ПСЗ).

Именно переход к обсуждению показателей, характеризующих составную часть ПСЗ, а именно – молекулярных форм зеина (МФЗ), - дает возможность проводить обсуждение роли каждой их сравниваемых линий посредством моделирования их тест скрещиваний.

При прямом моделировании тест скрещивания в качестве материнской формы используются электрофоретические спектры испытуемой линии кукурузы BS11, а в качестве отцовской формы – линия мартор D27. В результате запрограммированного синтеза формул этих двух генотипов формировалась гибридная матрица, на которой автоматически отмечались маркеры эффекта элиминации (т.е. исчезновения) молекулярных форм зеина линии мартора D27 в электрофоретическом спектре испытуемой линии BS11.

Таблица 2. Количественные характеристики ЭФ спектров зеина (по молекулярным формам зеина) прямых (DIR) и обратных (INV) гибридных комбинаций кукурузы, автоматически синтезированных из родительских линий А (BS 11) и В (D27)

№	Наименование количественного показателя Эф спектра зеина	Направление скрещивания: DIR – прямое (АхВ) INV-обратное (ВхА)	Общий ЭФ спектр	По зонам миграции (rf)		
				rf ≤ 0,4 (L)	0,4 < rf ≤ 0,6 (M)	rf > 0,6 (R)
1	Общее количество МФЗ	DIR & INV	32	7	15	10
2	Общая площадь МФЗ (ПСЗ)	DIR & INV	31,40	6,60	14,80	10,00
3	Общее количество маркерных молекулярных форм зеина (ммФЗ)	DIR	14	2	5	7
		INV	5	2	1	2
4	Общее количество маркерных зон молекулярных форм зеина (мзМФЗ)	DIR	8	2	3	3
		INV	5	2	1	2
5	Общая площадь мзМФЗ (Σ S мзМФЗ)	DIR	14,00	1,90	5,00	7,10
		INV	5,10	1,90	1,10	2,10
6	% общей площади мзМФЗ от общей площади ПСЗ (% мзМФЗ от ΣS ПСЗ).	DIR	44,57	6,05	15,92	22,60
		INV	16,23	6,05	3,50	6,68

Эти маркеры эффекта элиминации при прямом моделировании можно рассматривать также и как маркеры, определяющие роль отцовской формы – линии-мартора D27. Интерпретацию можно вести по следующим четырем количественным показателям: по общему количеству маркерных молекулярных форм зеина (Σ N ммФЗ); по общему числу маркерных зон молекулярных форм зеина (Σ N мзМФЗ); по их общей площади (Σ S мзМФЗ) и, соответственно, процентной суммарной доли этих маркерных зон от общей площади пептидных субъединиц зеина (% мзМФЗ от ΣS ПСЗ). Причем, по абсолютным величинам наиболее репрезентативным показателем является величина «процентной суммарной доли маркерных молекулярных форм от общей площади пептидных субъединиц зеина».

При обратном моделировании тест скрещиваний в качестве материнской формы используют электрофоретические спектры линии-мартора D27, в то время как отцовской формой является белковый профиль испытуемой линии BS11. При указанной комбинации в синтезируемой гибридной электрофоретической матрице автоматически выделяются маркеры эффекта обогащения белковых профилей зеина экспериментальной линии BS11, т.е. появления новых для линии-мартора МФЗ, определяющих генетическое отличие изучаемой линии от линии-мартора по принципу «единства различий».

Эти маркеры эффекта обогащения можно интерпретировать также как маркеры, определяющие роль отцовской формы – генотипа испытуемой линии BS11 - по тем же четырем количественным показателям, использованным в интерпретации прямого моделирования проводимых тест скрещиваний: Σ N мзМФЗ; Σ N ммФЗ; Σ S мзМФЗ и, соответственно, процентной суммарной доли этих маркерных зон от общей площади пептидных субъединиц зеина (% мзМФЗ от ΣS ПСЗ).

Данные, приведенные в таблице 2, наглядно демонстрируют возможности предложенной технологии моделирования прямого и обратного компьютерного тест скрещивания для идентификации генетического разнообразия изучаемых генотипов кукурузы на уровне специфики полиморфизма белков.

Причем, основные количественные характеристики ЭФ-ских спектров, позволяющие проводить расширенную оценку генетического разнообразия, выявляемого между сопоставляемыми линиями на уровне полиморфизма зеина, должны базироваться именно на параметре интерпретации «молекулярные формы зеина» с использованием всей совокупности их количественных характеристик, приведенных в таблице 2.

Часть 4. Цифровая методология идентификации степени сходства между сопоставляемыми линиями кукурузы по ЭФ спектрам зеина

На рисунке 5 представлен коллаж маркерных зон пептидных субъединиц зеина, которые не только идентифицируют рассмотренные ранее генетические различия между сопоставляемыми линиями (матрицы № 1 и №3), но также демонстрируют маркерные зоны ПСЗ, идентифицирующие сходство между этими линиями (матрица №2). Текстовая компьютерная обработка свидетельствует, что анализ характеристик ЭФ зон ПСЗ, а именно – по зонам миграции – позволяет эффективно маркировать сходство между сравниваемыми линиями. Так, при сопоставлении специфики полиморфизма зеина у линий BS11 и D27 наибольшее сходство по количеству ПСЗ и, особенно, по их площади – прослеживается в электрофоретической зоне средней миграции.

Возможности более углубленной детализации проводимого обсуждения сходства между изучаемыми линиями увеличиваются при переходе к количественной интерпретации молекулярных форм зеина (Рисунок 5).

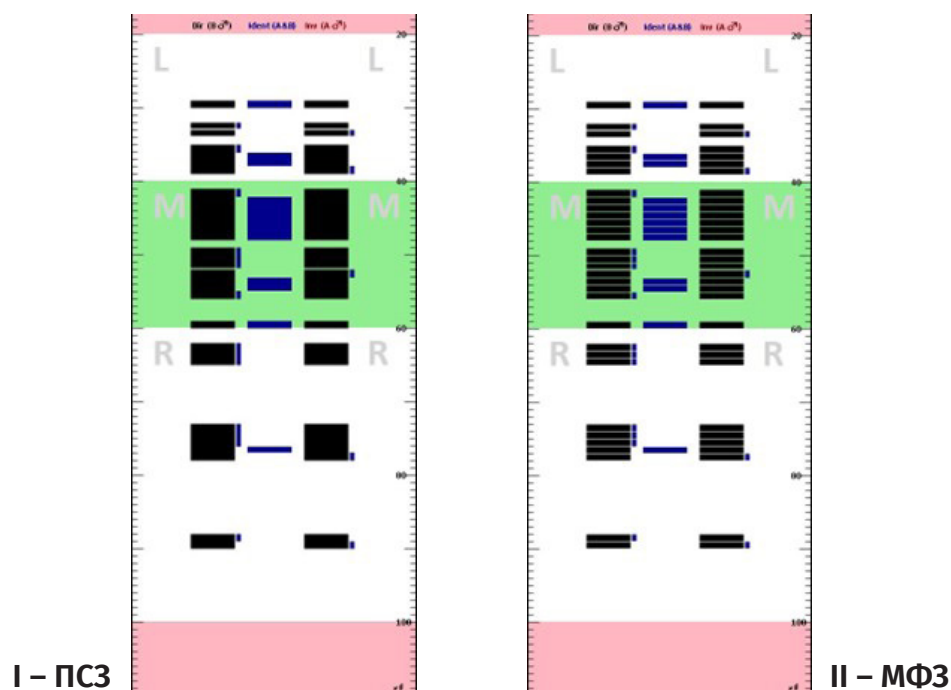


Рисунок 5. Идентификация сходства по пептидным субъединицам зеина (I – ПСЗ, матрица 2) и по молекулярным формам зеина (II – МФЗ, матрица 2)) между линиями А (BS 11) и В (D27), путем сопоставления матриц прямого (№ 1) и обратного (№3) гибридного комбинирования сравниваемых линий, различающихся по зонам молекулярного маркирования зеина

В то же время, показатель площади общей совокупности маркерных МФЗ, определяющих сходство между изучаемыми линиями, вновь подтверждает идентичность использования этого параметра как для ПСЗ, так и для МФЗ.

Наглядное обобщение обсуждаемых ЭФ-ких характеристик, определяющих сходство между сопоставляемыми линиями, представлено в таблице 3.

Таблица 3. Количественные характеристики ЭФ спектров зеина, определяющих сходство между линиями А (BS 11) и В (D27) на основе анализа ЭФ матриц автоматически синтезированных их гибридных комбинаций (ГК)

№	Наименование количественного показателя Эф спектра зеина	Общий ЭФ спектр	По зонам миграции (rf)		
			rf ≤ 0,4 (L)	0,4 < rf ≤ 0,6 (M)	rf > 0,6 (R)
1	Общее количество ПСЗ, идентичных для реципрокных ГК	6	2	3	1
2	Общее количество зон МФЗ, идентичных для реципрокных ГК (идМФЗ)	13	3	9	1
3	Общая площадь ПСЗ (МФЗ), идентичных для реципрокных ГК	12,30	2,80	8,70	0,80
4	% площади ПСЗ (МФЗ), идентичных для реципрокных ГК, от общей площади ПСЗ(% идМФЗ от общей площади ПСЗ)	39,17	8,92	27,71	2,54

Ссистематизация полученных характеристик в форме таблицы позволяет вести количественный анализ сходства между анализируемыми линиями на уровне полиморфизма зеина. Следует отметить, что для оценки сходства между сопоставляемыми линиями можно ограничиться интерпретацией ЭФ спектров, в основном, по характеристикам пептидных субъединиц зеина (ПСЗ): 1) общее количество ПСЗ, идентичных для реципрокных гибридных комбинаций (ГК); 2) общая площадь ПСЗ (и, соответственно площади совокупности их составляющих МФЗ), идентичных для реципрокных ГК. Параметр – «общее количество МФЗ, идентичных для реципрокных ГК» - не является информативным для определения сходства между сравниваемыми линиями. Главным параметром интерпретации сходства является «общая площадь ПСЗ (МФЗ), идентичных для реципрокных ГК». Причем, математический пересчет этой величины позволяет также представить наиболее репрезентативный показатель для оценки сходства по полиморфизму зеина между анализируемыми линиями: величины «процентной доли площади ПСЗ (МФЗ), идентичных для реципрокных ГК, от общей площади ПСЗ» (Таблица 3).

Часть 5. Оптимизация алгоритма анализа сходства и различий между гомозиготными генотипами кукурузы по специфике полиморфизма зеина

Таким образом, на основе проведенного анализа составных частей технологии оценки генетического сходства и различий между сравниваемыми генотипами кукурузы, в соответствии с программой FOREZ 2, можно оптимизировать цифровые манипуляции по следующему алгоритму:

Этап 1. Последовательный ввод наименований, сопоставляемых двух генотипов (линий) кукурузы, выбранных по принципу «единственного различия» с последующей возможностью редактирования и удаления (в случае необходимости).

Этап 2. Введение диапазона показателей «относительной электрофоретической подвижности – rf» каждой из полипептидных субъединиц зеина, составляющих общий ЭФ спектр каждой из двух сопоставляемых линий кукурузы.

Этап 3. Ввод формул прямых (DIR) и обратных (INV) гибридных комбинаций этих линий в рубрику «Реципрокные гибриды».

Этап 4. Создание текстовой компьютерной обработки зеиновых спектров (общих и по зонам миграции), документирующие количественные характеристики:

- маркерных зон ПСЗ и МФЗ, определяющих отцовскую роль линии В при автоматической сборке прямой (DIR) гибридной комбинации сопоставляемых линий;
- маркерных зон ПСЗ и МФЗ, определяющих отцовскую роль линии А при автоматической сборке обратной (INV) гибридной комбинации сопоставляемых линий;
- маркерных зон ПСЗ и МФЗ, определяющих идентичность (сходство) сопоставляемых линий А и В на основе анализа ЭФ спектров, автоматически синтезированных реципрокных гибридных комбинаций (DIR & INV).

Этап 6. Автоматический синтез компьютерных матриц ЭФ спектров реципрокных гибридных комбинаций (DIR & INV), документирующих маркерные МФЗ, идентифицирующие различия между сопоставляемыми генотипами кукурузы (Рисунок 4) и их сходство (Рисунок 6, II-МФЗ).

Этап 7. Создание табличной документации, систематизирующей и обобщающей количественные характеристики ЭФ спектров зеина, определяющие сходство и различия между сопоставляемыми генотипами (линиями) кукурузы на уровне полиморфизма зеина (Таблицы 1, 2, 3).

ВЫВОДЫ

1. Формирование алгоритма разрабатываемой технологии учитывает специфику интерпретации результатов селекционно-генетических исследований и основано на проведении сравнительного анализа двух сопоставляемых генотипов с их последующим включением в схему гибридного комбинирования на основе их автоматического синтеза по генетическому принципу кодминирования.
2. Преобразование цифровой обработки электрофореграмм анализируемых генотипов в электрофоретические матрицы следует моделировать по двум типам: по I типу - по пептидным субъединицам зеина (ПСЗ) и по II типу, в которых каждая ПСЗ представлена совокупностью молекулярных форм зеина (МФЗ).
3. Эффективность использования технологии моделирования прямого и обратного компьютерного тест скрещивания позволяет идентифицировать генетическое разнообразие изучаемых генотипов кукурузы на уровне специфики полиморфизма белков и базируется на параметре интерпретации «молекулярные формы зеина» с использованием всей совокупности их количественных характеристик: по общему кол-ву маркерных молекулярных форм зеина; по общему кол-ву маркерных зон молекулярных форм зеина; по их общей площади и, соответственно, процентной суммарной доли этих маркерных зон от общей площади пептидных субъединиц зеина общего ЭФ спектра.
4. Для оценки сходства между сопоставляемыми линиями интерпретацию ЭФ спектров можно ограничить количественными характеристиками пептидных субъединиц зеина (ПСЗ). Причем, главным параметром интерпретации сходства является «общая площадь ПСЗ (МФЗ), идентичных для реципрокных ГК».
5. Наиболее репрезентативным показателем для оценки сходства по полиморфизму зеина между анализируемыми линиями является величина «процентной доли площадей ПСЗ (МФЗ), идентичных для реципрокных гибридных комбинаций, от общей площади ПСЗ (МФЗ)».

- Предложен алгоритм цифровой технологии идентификации сходства и различий между гомозиготными генотипами кукурузы по специфике полиморфизма зеина. Предложенный алгоритм следует рекомендовать в качестве универсального инструмента, который можно использовать для обработки экспериментальных ЭФ-ских данных в области гетерозисной селекции кукурузы, спонтанного и искусственного мутагенеза, а также для оценки новых форм *Zea mays* L., полученных на основе биотехнологических методов.

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

- ADAMCIUC, A.; G. BATÎRU; G. COMAROVA; S. BOUNEGRU & E. ROTARI. (2022). Algorithm for creating electrophoretic passports of maize hybrids. In: *Advanced Biotechnologies - Achievements and Prospects: Materials of Scientific International Symposium*, Ed. 6, Chişinău, 3-4 octombrie 2022. Abstract book. Chişinău: Centrul Editorial-Poligrafic al USM, pp. 7-9. ISBN 978-9975-159-81-4. Disponibil: https://ibn.idsi.md/sites/default/files/imag_file/7-9_43.pdf
- BATÎRU, G.; G. COMAROVA; A. ADAMCIUC; S. BOUNEGRU; D. COJOCARI and E. ROTARI. (2023). *Catalogul paşapoartelor electroforetice ale formelor parentale şi hibridilor de porumb omologaţi în Republica Moldova şi destinaţi pentru export*. Redactor ştiinţific A. Rotari. Chişinău: Print-Caro, 132 p. ISBN 978-9975-175-96-8.
- BHAT, Jayant; C. S. Kantha KUMAR; Ganapati MUKRI; Neelam SUNIL & G. K. NAIDU (2024). Heterotic grouping methods reveal differential breeding efficiencies and season-specific categorization of inbreds in tropical maize (*Zea mays* L.). *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, vol. 84 (03), pp. 402-414. Disponibil: <https://doi.org/10.31742/isgpb.84.3.11>
- BOCIANOWSKI, Jan; Kamila NOWOSAD & Henryk BUJAK (2023). Meta-Analysis of Influence of diversity of parental forms on heterosis and specific combining ability of their hybrids. *Applied Sciences*, vol. 13 (15). Disponibil: <https://doi.org/10.3390/app13158704>
- COMAROVA, Galina (2025). Digital technology for comparative analysis of protein electrophoretic spectra in maize breeding and genetic research. In: *Advanced Biotechnologies – Achievements and Prospects: scientific international symposium, 7th edition, Chisinau, September 17-19, 2025*. Abstract book. Chisinau: Editura USM, p. 125. ISBN 978-9975-62-907-2. Disponibil: <https://doi.org/10.53040/abap7.2025.55>
- FUYAN, JIANG; XINGFU YIN; ZI WEI LI; RUIJIA GUO; JING WANG et al. (2023). Predicting heterosis via genetic distance and the number of SNPs in selected segments of chromosomes in maize. *Frontiers in Plant Science*, vol. 14. Disponibil: <https://doi.org/10.3389/FPLS.2023.1111961>
- GRIBINCEA, Vladimir (2021). *Crearea, utilizarea şi evaluarea diversităţii genetice a liniilor consangvinizate de porumb*. Teză de doctor în ştiinţe agricole. Paşcani, 194 p.
- MUSTEAŢA, S. (2008). Surse de germoplasmă utilizate în ameliorarea porumbului timpuriu. In: *Agrobiodiversitatea vegetală în Republica Moldova: evaluarea, conservarea şi utilizarea: Materialele simpozionului naţional*, Chişinău, 26-27 iunie. Chişinău, pp. 83-88. ISBN 978-9975-62-230-1.
- TROYER, A. F. & T. R. ROCHEFORD (2002). Germplasm ownership: Related corn inbreds. *Crop Science*, vol. 42(1), pp. 3-11. ISSN 0011-183X. DOI 10.2135/cropsci2002.0003.
- КОМАРОВА, Г.; А. РОТАРЬ и А. АДАМЧУК. (2003). Возможности компьютерного моделирования для паспортизации гибридов кукурузы методом электрофореза". In: *70 ani ai Universităţii Agricole de Stat din Moldova, Agronomie: Simpozion ştiinţific internaţional*. Chişinău, pp. 38-40.

Conflict of interests

The authors declare that they have no conflict of interests.

Authors' contributions

This work was carried out in collaboration among all authors. All authors read and approved the final manuscript.

Paper history

Received 16.10.2025; Accepted 23.11.2025

Copyright: © 2025 by the author(s). This is an open access article distributed under the Creative Commons Attribution License (CC BY 4.0).