

АЛЛЕЛЬНЫЙ ПОЛИМОРФИЗМ ГЕНА *INVINH1* У ОБРАЗЦОВ КУКУРУЗЫ ИЗ КОЛЛЕКЦИИ ВИР

© 2019 г. М. А. Филошин^{1, *}, Е. А. Дьяченко¹, Э. Б. Хатефов²,
А. В. Щенникова¹, Е. З. Кочиева^{1, 3}, К. Г. Скрябин^{1, 3}

¹Федеральный исследовательский центр “Фундаментальные основы биотехнологии”
Российской академии наук, Москва, 119071 Россия

²Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений
им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, 190000 Россия

³Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова,
кафедра биотехнологии, Москва, 119991 Россия

*e-mail: michel7753@mail.ru

Поступила в редакцию 15.03.2019 г.

После доработки 09.04.2019 г.

Принята к публикации 29.04.2019 г.

Определены последовательности гена ингибитора апопластных инвертаз *INVINH1* у 71 образца кукурузы из коллекции Всероссийского института генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (Россия). Идентифицировано 35 аллельных вариантов данного гена. У 21 образца кукурузы в положении –95 от старт-кодона была обнаружена протяженная вставка (143, 190, 192 и 210 пн). В белках *INVINH1* выявлено 21 замещение аминокислотных остатков, шесть из которых потенциально радикальные (A49V, A49G, A65P, S97I, C99R, D108Y) и локализованы в функциональном домене РМЕI.

Ключевые слова: ингибитор инвертаз, *INVINH1*, кукуруза, полиморфизм гена, ВИР.

DOI: 10.1134/S0016675819110043

Кукуруза (*Zea mays* L.) является основной зерновой культурой в мире, ежегодное производство которой составляет более 1.1 млрд т (FAOSTAT, 2017). В сухом зерне кукурузы содержится более 70% крахмала и около 10% белков, поэтому кукуруза является важным источником пищи для человека и животных, а также сырьем для получения этанола и биотоплива [1]. Также кукуруза является модельным организмом для молекулярно-генетических исследований, в том числе связанных с углеводным метаболизмом [2, 3].

К настоящему времени у кукурузы идентифицированы и описаны гены метаболизма крахмала и сахарозы [2–5], а также различные транскрипционные факторы, регулирующие данные процессы [6–8]. Одними из важнейших ферментов углеводного метаболизма растений являются инвертазы (INV, EC 3.2.1.26), которые катализируют необратимый гидролиз сахарозы в глюкозу и фруктозу [5]. Сахароза по флоэме транспортируется в апопласт, цитоплазму и вакуоль, в каждом из этих компарментов функционируют определенные инвертазы [9]. В геноме кукурузы идентифицирован 21 ген, кодирующий инвертазы различной клеточной локализации [5], которые иг-

рают важную роль во время раннего развития зерна кукурузы, превращая сахарозу, транспортируемую из листьев, в гексозы для поддержки клеточного деления в эндосперме и эмбрионе [10].

Активность инвертаз регулируется посттрансляционно ингибиторами инвертаз за счет формирования этими белками нековалентного комплекса (1 : 1), в результате чего контролируется гидролиз сахарозы [11]. Белки *INVINH* являются членами суперсемейства ингибиторов пектинметилэстераз (РМЕI; EC 3.1.1.11) и содержат сигнальный пептид и домен РМЕI [10]. Роль ингибиторов в регуляции активности инвертаз была показана с помощью оверэкспрессии или замалчивания экспрессии кодирующих их генов в модельных растениях [11]. Кроме того было показано влияние транскрипционной активности ингибиторов инвертаз на некоторые физиологические процессы, такие как развитие семян и плодов, старение листьев и ответной реакции на биотические и абиотические стрессы [12–14].

У кукурузы идентифицирован и охарактеризован только один ген ингибитора инвертаз – *INVINH1*, для которого показана специфичная экспрессия на ранних стадиях развития зерна и предположено

его участие в регуляции синтеза и накопления крахмала в клетках эндосперма путем ингибирования апопластных инвертаз [10]. Ген *ZmINVINH1* локализован на хромосоме 2 и не содержит интронов. У сахарного тростника, который, как и кукуруза, относится к трибе Andropogoneae, идентифицировано два гена ингибиторов инвертаз, один из которых, *ShINH1*, гомологичен *INVINH1 Z. mays* [11]. Несмотря на то, что к настоящему времени определены полные геномы девяти генотипов кукурузы *Z. mays* subsp. *mays* и подвида *Z. mays* subsp. *mexicana* (который считается одним из предков современной кукурузы), данные о полиморфизме гена *INVINH1* отсутствуют.

Целью данного исследования стала идентификация и анализ последовательностей гена *INVINH1* у сортов и линий кукурузы из коллекции Всероссийского института генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (ВИР, г. Санкт-Петербург, Россия).

Для работы были использованы 71 образец кукурузы из коллекции ВИР, включая тетраплоидные линии и образцы дикорастущих популяций из Перу, а также один образец подвида *Z. mays* subsp. *parviglumis* (табл. 1). ДНК выделяли из четырехдневных проростков согласно [15]. На основе доступных в NCBI геномных последовательностей гена *INVINH1* девяти известных генотипов *Z. mays* subsp. *mays* (B73, CML247, DK105, EP1, F7, Mo17, PE0075, PH207, W22) и подвида *Z. mays* subsp. *mexicana* были разработаны праймеры INH1-F (5'-ACCAGCCACAATCCATTTATTAG-3') и INH1-R (5'-CTTAATAAGCCCGAGATCATCA-3') для амплификации данного гена у анализируемых образцов кукурузы. Амплификацию последовательностей проводили с использованием реактивов для ПЦР (ООО "Диалат Лтд") в следующих условиях: исходная денатурация (5 мин, 95°C); 35 циклов денатурации (30 с, 95°C), отжига (30 с, 56°C) и синтеза (1 мин 30 с, 72°C); завершающий синтез (3 мин, 72°C). Полученные ампликоны секвенировали с помощью праймеров INH1-F и INH1-R с использованием системы BigDye и Applied Biosystems 3730 DNA Analyzer (ЦКП Биоинженерия, ФИЦ Биотехнологии РАН). Анализ и выравнивание нуклеотидных и аминокислотных последовательностей проводили с помощью программы MEGA 7.0 (<https://www.megasoftware.net/>). Присутствие сигнального пептида и РМЕ1-домена в последовательности белков определяли с помощью программ SignalP4.0 (<http://www.cbs.dtu.dk/services/SignalP-4.0/>) и NCBI-CDD (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/cdd/wrpsb.cgi>) соответственно. Радикальные и нейтральные аминокислотные замещения были предсказаны в программе PROVEAN (http://provean.jcvi.org/sec_submit.php). Аллельный полиморфизм анализируемых последовательностей генов ингибиторов инвертаз определяли путем их сравнения с

последовательностью *INVINH1* генотипа инбредной линии B73, который используется в геномных исследованиях *Z. mays* subsp. *mays* в качестве референса [16].

С помощью разработанных праймеров у 71 образца кукурузы из коллекции ВИР были амплифицированы и секвенированы последовательности гена *INVINH1*. Размер кодирующей части гена *INVINH1* у всех анализируемых образцов был одинаков и составил 531 пн. При сравнении с референсной последовательностью *INVINH1* образца B73 в исследуемых генах было найдено 37 нуклеотидных замен (6.97% от общей длины). Анализ распределения этих замен у анализируемых образцов кукурузы и генотипов из NCBI позволил выявить 35 аллельных вариантов гена *INVINH1* (табл. 2). Аллельные варианты *INVINH1* отличались от последовательности *INVINH1* B73 SNPs. В подавляющем большинстве они представляли собой различные комбинации определенного набора SNPs (табл. 2), чем и объясняется большое количество выявленных аллельных вариантов. Пять аллельных вариантов были представлены единичными заменами.

Наиболее частым вариантом оказалась последовательность гена референсного образца B73 (аллель A1), выявленным у 12 (16.2%) исследуемых образцов кукурузы коллекции ВИР, а также у генотипов DK105, F7, PH207 из базы данных NCBI. Также были выявлены редкие аллели A16–A35, которые встречались только у одного из анализируемых образцов (табл. 2).

Прародителем современной кукурузы считается подвид *Z. mays* subsp. *parviglumis* [17]. Анализ полногеномных последовательностей современных линий кукурузы и гибридов с теосинте (*Z. mays* subsp. *mexicana*) показал, что около 10% генома кукурузы происходит от subsp. *mexicana* [16]. Последовательность *INVINH1* у анализируемых образцов *Z. mays* subsp. *mexicana* и *Z. mays* subsp. *parviglumis* отличается от референса B73 двумя (аллель A4) и тремя (аллель A13) нуклеотидными заменами соответственно. Аллельный вариант A4 (G214T; T234C), характерный для subsp. *mexicana*, был выявлен у трех образцов (C-224, C-561 и I149-1), а аллельный вариант A13 (C19G; T389C; A531G) subsp. *parviglumis* – у образца C-450. Интересно, что у исследуемого 71-го образца кукурузы замены G214T (*mexicana*), T389C и A531G (*parviglumis*) были одновременно выявлены в составе нескольких аллелей, в то время как замены T234C (*mexicana*) и C19G (*parviglumis*) оказались редкими и не встречались вместе, а также в комбинации с заменами T389C и A531G (*parviglumis*) и G214T (*mexicana*) соответственно.

Полученные ампликоны содержали, помимо кодирующей части, 5'-нетранслируемый участок, размер которого варьировал (400–600 пн). В по-

Таблица 1. Список анализируемых образцов кукурузы и выявленные для них аллельные варианты гена *INVINH1* и варианты белка

Линия/сорт/ подвид <i>Z. mays</i>	Номер по каталогу ВИР	Аллельный вариант гена <i>INVINH1</i>	Вариант белка	Наличие (+)/отсутствие (-) вставки в положении -95 от старт-кодона, ее размер, пн
Тео-4	С-1760	<i>A1</i>	P1	+(192)
Тео 5465-1-1	С-1761	<i>A5</i>	P5	+(143)
МП4а-1	С-1762	<i>A16</i>	P13	-
МП4а-3	С-1763	<i>A5</i>	P5	+(143)
МП4а-4	С-1764	<i>A17</i>	P14	+(192)
МП4в	С-1765	<i>A18</i>	P15	+(143)
1/130-1	С-1766	<i>A6</i>	P6	+(210)
1/99-3-3-1	С-1767	<i>A1</i>	P1	+(192)
1/99-3-3-4	С-1768	<i>A19</i>	P4	-
1/99-3-3-5	С-1769	<i>A1</i>	P1	+(192)
1/99-3-3-7	С-1770	<i>A20</i>	P16	+(192)
		<i>A21</i>	P17	-
КБЗ	К-23994	<i>A22</i>	P18	-
С-42	С-42	<i>A1</i>	P1	+(190)
С-154	С-154	<i>A23</i>	P19	-
С-163	С-163	<i>A2</i>	P2	-
С-224	С-224	<i>A4</i>	P4	+(192)
С-237	С-237	<i>A3</i>	P3	-
С-282	С-282	<i>A24</i>	P20	+(192)
С-498	С-498	<i>A8</i>	P8	-
С-551	С-551	<i>A1</i>	P1	+(143)
С-561	С-561	<i>A4</i>	P4	+(192)
С-562	С-562	<i>A25</i>	P10	-
С-680	С-680	<i>A8</i>	P8	-
С-740	С-740	<i>A2</i>	P2	-
С-751	С-751	<i>A12</i>	P10	+(190)
		<i>A26</i>	P21	-
С-764	С-764	<i>A2</i>	P2	-
С-765	С-765	<i>A2</i>	P2	-
С-782	С-782	<i>A27</i>	P12	-
С-787	С-787	<i>A3</i>	P3	-
С-794	С-794	<i>A1</i>	P1	-
С-802	С-802	<i>A2</i>	P2	-
С-803	С-803	<i>A8</i>	P8	-
С-814	С-814	<i>A28</i>	P22	+(143)
С-817	С-817	<i>A1</i>	P1	+(192)
С-818	С-818	<i>A6</i>	P6	+(210)
Куско-1	К-23977	<i>A11</i>	P9	-
Куско-3	К-23976	<i>A11</i>	P9	-
Куско-4	К-23980	<i>A10</i>	P4	-
Куско-5	К-23979	<i>A29</i>	P1	+(143)
Ранняя Лакомка	К-23993	<i>A1</i>	P1	-

Таблица 1. Окончание

Линия/сорт/ подвид <i>Z. mays</i>	Номер по каталогу ВИР	Аллельный вариант гена <i>INVIN1</i>	Вариант белка	Наличие (+)/отсутствие (-) вставки в положении -95 от старт-кодона, ее размер, пн
С-450	С-450	<i>A13</i>	P11	-
Тетрасил	К- 23427	<i>A15</i>	P3	-
С-430	С-430	<i>A12</i>	P10	+(190)
		<i>A30</i>	P23	-
1170-1	С-1244	<i>A14</i>	P12	-
1139-4	С-1771	<i>A1</i>	P1	-
1139 -1	С-1005	<i>A1</i>	P1	-
1137-3	С-987	<i>A14</i>	P12	-
1176-10	С-1286	<i>A1</i>	P1	-
1194-7	С-1444	<i>A2</i>	P2	-
1142 -2	С-1034	<i>A7</i>	P7	-
1169-10	С-1233	<i>A3</i>	P3	-
1189-6	С-1392	<i>A31</i>	P2	-
1189-9	С-1396	<i>A2</i>	P2	-
1192-5	С-1172	<i>A9</i>	P1	-
1160-9	С-1190	<i>A3</i>	P3	-
1167-4	С-1229	<i>A3</i>	P3	-
1178-8	С-1773	<i>A2</i>	P2	-
1191-15	С-1229	<i>A9</i>	P1	-
1188-1	С-1774	<i>A2</i>	P2	-
1170-2	С-1245	<i>A32</i>	P24	-
1158-1	С-1168	<i>A7</i>	P7	-
1184-9	С-1370	<i>A3</i>	P3	-
1177-5	С-1304	<i>A7</i>	P7	+(210)
1150-9	С-1116	<i>A6</i>	P6	-
1150-7	С-1114	<i>A3</i>	P3	-
1184-4	С-1364	<i>A2</i>	P2	-
1173-1	С-1273	<i>A15</i>	P3	-
1205-2	С-1522	<i>A33</i>	P25	-
1173-2	С-1274	<i>A1</i>	P1	-
1149-1	С-1100	<i>A4</i>	P4	-
<i>parviglumis</i>	984	<i>A13</i>	P11	-
<i>mexicana*</i>		<i>A4</i>	P4	-
B73*		<i>A1</i>	P1	+(190)
DK105*		<i>A1</i>	P1	+(192)
F7*		<i>A1</i>	P1	-
PH207*		<i>A1</i>	P1	-
CML247*		<i>A10</i>	P4	-
EP1*		<i>A4</i>	P4	+(192)
Mo17*		<i>A35</i>	P27	-
W22*		<i>A34</i>	P26	-
PE0075*		<i>A5</i>	P5	+(143)

* Последовательности из базы данных NCBI.

Таблица 2. Аллельные варианты гена *INVINH1* и частота их встречаемости у анализируемых образцов кукурузы из коллекции ВИР

Аллель	Нуклеотидные замены	Число образцов	Частота встречаемости, %
A1	—	12	16.2
A2	C93T; C146T	10	13.5
A3	C93T; G121T; T389C; G451T; G481C; A531G	7	9.5
A4	G214T; T234C	3	4.1
A5	C186G; C195T; G214T; T389C; G481C; A531G	2	2.7
A6	G12A; C24T; G121T; G214T; T389C; G451T	3	4.1
A7	C93T; G121T; T389C	3	4.1
A8	C93T; G121T; G214T; T389C; G451T; G481C; A531G	3	4.1
A9	C348A	2	2.7
A10	G214T	1	1.4
A11	C146T; G214T	2	2.7
A12	C19G; G385A; T389C; G481C; A531G	2	2.7
A13	C19G; T389C; A531G	2	2.7
A14	C146T; G385A; T389C; G481C; A531G	2	2.7
A15	C93T; G121T	2	2.7
A16	C93T; G121T; G290A; T389C; G451T; G481C; A531G	1	1.4
A17	G76A; G214T; T234C	1	1.4
A18	C186G; C195T; G214T; T389C; G398C	1	1.4
A19	G214T	1	1.4
A20	T295C; G315C; T389C; G481C; A531G	1	1.4
A21	C146T; G214T; T234C; G385A; G481C	1	1.4
A22	C93T; G121T; G290T; C341G; T389C; G451T; G471A; G481C; G498T; A531G	1	1.4
A23	C19G; T389C; G481C; A531G	1	1.4
A24	G102A; G273C; G290A; G358A	1	1.4
A25	C19G; G385A; T389C; G481C; A531G	1	1.4
A26	G76A; G102A; G290T; G312T; G315C; G322T; G363T; G429A; C454T	1	1.4
A27	C146T; G385A; T389C; G481C; A531G	1	1.4
A28	G398C	1	1.4
A29	A531G	1	1.4
A30	G76A; G322T; G337T; G429A	1	1.4
A31	C93T; C146T; G471A	1	1.4
A32	C93T; G121T; C146G; T389C; G481C	1	1.4
A33	G193C; G207A; C348A	1	1.4
A34*	C93T; G121T; G214T; T389C; G481C; A531G	—	—
A35*	C93T; G121T; T389C; G481C; A531G	—	—

* Аллели выявлены у генотипов кукурузы W22 (A34) и Mo17 (A35) из базы NCBI.

ложении –95 от старт-кодона у 21-го образца кукурузы была выявлена вставка: 143 пн (шесть образцов), 190 пн (три образца), 192 пн (девять образцов) и 210 пн (три образца) (табл. 1). Подобная вставка присутствовала также у четырех генотипов кукурузы (B73 (190 пн), DK105 (192 пн), EP1 (192 пн), PE0075 (143 пн)) из базы NCBI. Три анализируемые образца кукурузы (1/99-3-3-7, С-751

и С-430) были гетерозиготны по наличию/отсутствию описанной выше вставки (табл. 1).

Полученные кодирующие последовательности *INVINH1* 71-го образца кукурузы были транслированы. Мы показали, что 35 выявленных аллелей соответствовали 27 вариантам аминокислотной последовательности *INVINH1* (рис. 1).

тельный анализ нуклеотидных последовательностей *INVINH1* анализируемых образцов кукурузы с референсной последовательностью *Z. mays* subsp. *mays* В73 позволил идентифицировать 35 аллельных вариантов, что подтверждает высокий уровень внутривидового геномного полиморфизма современной кукурузы, как было показано ранее [1, 16]. Более глубокое изучение функций ингибитора апопластных инвертаз *INVINH1* и его связей с углеводным метаболизмом кукурузы может быть использовано для получения линий с измененным содержанием крахмала и сахаров в зерне.

Работа выполнена с использованием экспериментальной установки искусственного климата – ЭУИК (Институт биоинженерии ФИЦ Биотехнологии РАН), при поддержке РФФИ (№ 18-29-07007) и Министерства науки и высшего образования Российской Федерации.

Настоящая статья не содержит каких-либо исследований с использованием в качестве объектов животных.

Настоящая статья не содержит каких-либо исследований с участием в качестве объектов людей.

Авторы заявляют, что у них нет конфликта интересов.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Sun S., Zhou Y., Chen J. et al. Extensive intraspecific gene order and gene structural variations between Mo17 and other maize genomes // *Nat. Genet.* 2018. V. 50. № 9. P. 1289–1295. <https://doi.org/10.1038/s41588-018-0182-0>
2. Zhang X., Colleoni C., Ratushna V. et al. Molecular characterization demonstrates that the *Zea mays* gene *sugary2* codes for the starch synthase isoform SSIIa // *Plant Mol. Biol.* 2004. V. 54. P. 865–879.
3. Yan H.B., Pan X.X., Jiang H.W., Wu G.J. Comparison of the starch synthesis genes between maize and rice: copies, chromosome location and expression divergence // *Theor. Appl. Genet.* 2009. V. 119. № 5. P. 815–825. <https://doi.org/10.1007/s00122-009-1091-5>
4. Chourey P.S., Jain M., Li Q.B., Carlson S.J. Genetic control of cell wall invertases in developing endosperm of maize // *Planta.* 2006. V. 223. № 2. P. 159–167.
5. Wang L., Zheng Y., Ding S. et al. Molecular cloning, structure, phylogeny and expression analysis of the invertase gene family in sugarcane // *BMC Plant Biol.* 2017. V. 17. № 1. Article 109. <https://doi.org/10.1186/s12870-017-1052-0>
6. Zhang Z., Zheng X., Yang J. et al. Maize endosperm-specific transcription factors O2 and PBF network the regulation of protein and starch synthesis // *Proc. Natl Acad. Sci. USA.* 2016. V. 113. № 39. P. 10842–10847. <https://doi.org/10.1073/pnas.1613721113>
7. Cai H., Chen Y., Zhang M. et al. A novel GRAS transcription factor, *ZmGRAS20*, regulates starch biosynthesis in rice endosperm // *Physiol. Mol. Biol. Plants.* 2017. V. 23. № 1. P. 143–154. <https://doi.org/10.1007/s12298-016-0404-9>
8. Qi X., Li S., Zhu Y. et al. *ZmDof3*, a maize endosperm-specific Dof protein gene, regulates starch accumulation and aleurone development in maize endosperm // *Plant Mol. Biol.* 2017. V. 93. № 1–2. P. 7–20. <https://doi.org/10.1007/s11103-016-0543-y>
9. Ma H., Albert H.H., Paull R., Moore P.H. Metabolic engineering of invertase activities in different subcellular compartments affects sucrose accumulation in sugarcane cells // *Functional Plant Biology.* 2000. V. 27. P. 1021–1030. <https://doi.org/10.1071/PP00029>
10. Bate N.J., Niu X., Wang Y. et al. An invertase inhibitor from maize localizes to the embryo surrounding region during early kernel development // *Plant Physiol.* 2004. V. 134. № 1. P. 246–254.
11. Shivalingamurthy S.G., Anangi R., Kalaipandian S. et al. Identification and functional characterization of sugarcane invertase inhibitor (*ShINH1*): a potential candidate for reducing pre- and post-harvest loss of sucrose in sugarcane // *Front. Plant Sci.* 2018. V. 9. Article 598. <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.0059>
12. Jin Y., Ni D.A., Ruan Y.L. Posttranslational elevation of cell wall invertase activity by silencing its inhibitor in tomato delays leaf senescence and increases seed weight and fruit hexose level // *Plant Cell.* 2009. V. 21. P. 2072–2089. <https://doi.org/10.1105/tpc.108.063719>
13. Xu X., Hu Q., Yang W.N., Jin Y. The roles of cell wall invertase inhibitor in regulating chilling tolerance in tomato // *BMC Plant Biol.* 2017. V. 17. Article 195. <https://doi.org/10.1186/s12870-017-1145-9>
14. Zuma B., Dana M.B., Dongfang W.D. Prolonged expression of a putative invertase inhibitor in micropylar endosperm suppressed embryo growth in Arabidopsis // *Front. Plant Sci.* 2018. V. 9. Article 61. <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.00061>
15. Филюшин М.А., Решетникова Н.М., Кочиева Е.З., Скрябин К.Г. Внутривидовая вариабельность ITS-последовательностей у паразитического растения *Монотропа hypopitys* L. из популяций европейской части России // *Генетика.* 2015. Т. 51. № 11. С. 1330–1334.
16. Yang N., Xu X.W., Wang R.R. et al. Contributions of *Zea mays* subspecies *mexicana* haplotypes to modern maize // *Nat. Commun.* 2017. V. 8. Article 1874. <https://doi.org/10.1038/s41467-017-02063-5>
17. van Heerwaarden J., Doebley J., Briggs W.H. et al. Genetic signals of origin, spread, and introgression in a large sample of maize landraces // *Proc. Natl Acad. Sci. USA.* 2011. V. 108. P. 1088–1092. <https://doi.org/10.1073/pnas.1013011108>
18. Brummell D.A., Chen R.K., Harris J.C. et al. Induction of vacuolar invertase inhibitor mRNA in potato tubers contributes to cold-induced sweetening resistance and includes spliced hybrid mRNA variants // *J. Exp. Bot.* 2011. V. 62. № 10. P. 3519–3534. <https://doi.org/10.1093/jxb/err043>

***INVINH1* Gene Allelic Polymorphism in Maize Accessions from VIR Collection**

**М. А. Filyushin^{a, *}, Е. А. Dyachenko^a, Е. В. Khatefov^b,
А. V. Shchennikova^a, Е. Z. Kochieva^{a, c}, and К. G. Skryabin^{a, c}**

^a*Federal Research Center Fundamentals of Biotechnology, Russian Academy of Sciences, Moscow, 119071 Russia*

^b*Federal Research Center Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, Saint-Petersburg, 190000 Russia*

^c*Department of Biotechnology, Lomonosov, Moscow State University, Moscow, 119991 Russia*

*e-mail: michel7753@mail.ru

The sequences of the apoplast invertase inhibitor gene *INVINH1* were identified in 71 maize accessions from the VIR collection. In total, 35 *INVINH1* allelic variants were found. In 21 maize accessions, at position –95 from the start codon, *INVINH1* contained an extended insertion (143, 190, 192, and 210 bp). In *INVINH1* proteins, 21 amino acid substitutions have been identified, six of which, predicted to be radical, were localized in the PME1 functional domain (A49V, A49G, A65P, S97I, C99R, D108Y).

Keywords: invertase inhibitor, *INVINH1*, maize, gene polymorphism, VIR.