

ГОЦУЛЯК В. Я., БЛЮМ Р. Я.✉, БЛЮМ Я. Б.

Інститут харчової біотехнології та геноміки НАН України,

Україна, 04123, м. Київ, вул. Байди-Вишневецького, 2А, ORCID: 0009-0007-5162-7232, 0000-0003-4936-1803, 0000-0001-7078-7548

✉ blume.rostislav@gmail.com, (044) 463-05-32**ПОРІВНЯЛЬНИЙ АНАЛІЗ ЛІПАЗ *CAMELINA SATIVA* ТА ПРОМИСЛОВИХ ЛІПАЗ ГРИБНОГО ПОХОДЖЕННЯ, ЯКІ ВИКОРИСТОВУЮТЬСЯ ДЛЯ ВИРОБНИЦТВА БІОДИЗЕЛЯ**

Мета. Ідентифікувати гени ендегенних ліпаз рижю посівного (*Camelina sativa*) та проаналізувати подібність ключових функціональних доменів їх амінокислотних послідовностей з відповідними послідовностями промислових ліпаз грибно-го походження. **Методи.** Було здійснено детальний пошук у базах даних з метою виявлення послідовностей ліпаз різних видів, а також проведено вирівнювання їх послідовностей, ідентифіковано консервативні мотиви послідовностей, встановлено доменну будову виявлених білків, а також здійснено філогенетичний аналіз. **Результати.** Ідентифіковано 15 генів триацигліцерол-ліпаз рижю, а також виявлено відповідні послідовності ліпаз для промислових (комерційно доступних) ліпаз грибно-го походження. Проаналізовано їх доменну будову, а також виявлено міру дивергенції послідовностей їх функціональних регіонів. **Висновки.** Виявлено ліпази, найбільш подібні за послідовностями та доменною організацією до ліпаз рижю, а, отже, ті, які потенційно можуть бути використані для більш ефективної трансестерифікації олії зі специфічними жирнокислотним складом для саме цього виду.

Ключові слова: рижій посівний, олійні культури, *Camelina sativa*, біодизель, ліпази, трансестерифікація, повногеномний пошук.

Глобальні зміни клімату, пов'язані з викидами парникових газів, залишаються критично важливою світовою проблемою останніх десятиліть. Одним із шляхів вирішення цієї проблеми є заміщення продуктів нафтопереробки, який стає, як ніколи, актуальним у країнах, які залежать від імпорту традиційних видів рідкого палива [1, 2]. Двома видами перспективних альтернативних біопалив є біодизель та біоетанол, потенційно здатні замінити традиційні рід-

кі палива. Зокрема, розширення використання біодизелю може забезпечити значний внесок у вирішення проблеми глобального потепління за рахунок зниження викидів парникових газів та інших забруднювачів у атмосферу [3]. Більше того, забезпечення власним паливом з відновлювальних джерел є одним з найважливіших стратегічних завдань сучасної України, особливо з урахуванням нинішнього курсу на енергетичну незалежність [1, 4].

Незважаючи на нинішні особливості розвитку ринку традиційних палив, темпи зростання виробництва біопалив суттєво відстають від зростання потреби в них. Головними завданнями для збільшення ефективності та економічної доцільності отримання біопалив є пошук дешевої сировини, нових технологічних рішень і достатніх інвестицій у цю галузь. Наразі найбільш поширеними олійними культурами у Європі та Північній Америці є соняшник (*Helianthus annuus*), ріпак (*Brassica napus*) та соя (*Glycine max*) [1, 4, 5]. Соняшник є однією з найбільш поширених олійних культур у Центральній Європі, а його культивування займає близько 90 % площ посівів усіх олійних рослин. У той же час, найбільшу увагу вчених останнім часом привернули такі олійні культури з родини Хрестоцвіті (*Cruciferae*) як рижій посівний (*Camelina sativa*), абіссинська гірчиця (*Brassica carinata*) і талабан (*Thlaspi arvense*), які є найбільш перспективними для отримання біодизелю та авіаційного біопалива [1–3]. Взагалі, представники цієї родини характеризуються високим вмістом олії в насінні, що робить їх достатньо привабливими для використання як олійної сировини для виробництва біодизелю [1, 2, 5].

У низці робіт показано, що використання авіаційного біопалива, отриманого з олії рижю,

© ГОЦУЛЯК В. Я., БЛЮМ Р. Я., БЛЮМ Я. Б.

дозволяє знизити викиди парникових газів на 75–80 %, у порівнянні з традиційним авіакеросином [3]. Також, олія рижію використовується для отримання біодизелю для наземного транспорту, при виробництві мастильних компонентів та у хімічній промисловості для отримання полімерних матеріалів. Більше того, іноді рижій розглядається як культура подвійного призначення, через харчову цінність його олії, до складу якої входить значна кількість ліноленової кислоти – 30–40 % [1, 4, 5].

На сьогодні переважна більшість способів отримання біодизелю з рослинних олій і, зокрема, з олії рижію, базуються на різних варіантах реакції трансестерифікації, котра дозволяє отримувати метилові або етилові естери жирних кислот безпосередньо з триацилгліцеридів [1]. Зазвичай для отримання біодизелю застосовують лужну каталітичну трансестерифікацію або, рідше, переестерифікацію за надкритичних умов [2]. Однак в останні роки з розвитком та удосконаленням біотехнологічних методів отримання рекомбінантних ферментативно-активних білків велику увагу приділяють підходам переестерифікації олії, каталізованої ліпазами [6]. Лише у випадку ферментативної трансестерифікації можна досягти конверсії не тільки зв'язних жирних кислот у формі тригліцеридів, а й перетворити вільні жирні кислоти на їх спиртові естери, що значною мірою підвищує ефективність реакції та суттєво спрощує подальшу очистку кінцевого продукту [2, 6].

Варто також зазначити, що ліпази, на відміну від неорганічних каталізаторів, здатні як до хімічно-селективної конверсії, так і є регіоселективними. Специфічність ліпаз до тригліцеридів

певного типу забезпечується як особливостями просторової конформації білків, так і особливостями їх амінокислотних послідовностей [6]. Саме тому метою цієї роботи був аналіз особливостей послідовностей ключових функціональних доменів комерційних ліпаз, що використовуються для виробництва біодизелю, та їх порівняння з ендегенними ліпазами рижію, які еволюційно адаптовані до розщеплення його ліпідів.

Матеріали і методи

Дані про технічні характеристики комерційно доступних ліпаз, їх типи, специфічність та їх походження були отримані з супровідної документації, наданої виробником (<https://www.strem.com/catalog/gl/101/>). Дані про ID послідовностей цих ліпаз та організм походження наведені у таблиці 1.

Поряд з цим дані про ендегенні ліпази триацилгліцеридів, гени яких наявні та анотовані у геномі рижію посівного, були отримані з бази KEGG Genome (<https://www.genome.jp/kegg/genome/>). Одним з критеріїв пошуку була анотація гена або його гомологів за EC номером 3.1.1.3, що відповідає коду ліпаз триацилгліцеролів. Дані про ID амінокислотних та нуклеотидних послідовностей ідентифікованих ліпаз, локалізацію генів на хромосомах та власне послідовності були отримані з бази даних NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>). Для аналізу була використана остання та найбільш повна з доступних збірка геному *C. sativa* – GCA_000633955.1.

Таблиця 1. Комерційно доступні ліпази, їх походження з різних організмів та ідентифікатори амінокислотних послідовностей цих білків у різних базах даних

Комерційна ліпаза	Організм	ID білка
Lipozyme TL IM	<i>Thermomyces lanuginosa</i>	O59952*
Lipozyme CALB L	<i>Candida antarctica</i>	P41365*
Lipozyme TL 100 L	<i>Thermomyces lanuginosa</i>	O59952*
NovoCor AD L	<i>Candida antarctica</i>	2VEO_A**
Novozym 435	<i>Candida antarctica</i>	P41365*
Lipozyme RM	<i>Rhizomucor miehei</i>	P19515*
Novozym 51032	<i>Aspergillus</i> sp.	-
Palatase 20000 L	<i>Rhizomucor miehei</i>	P19515*
Resinase HAT	<i>Aspergillus oryzae</i>	XP_023093192 [‡] ; XP_001818509 [‡] (Q2UPK8*); XP_023090724 [‡]

Примітки: * – UniProt ID; ** – PDB ID; ‡ – NCBI ID.

Для подальшого біоінформатичного аналізу були використані білкові послідовності ідентифікованих ліпаз рижію. Також до аналізу були залучені послідовності комерційно доступних ліпаз, представлених у таблиці 1. Послідовності були проаналізовані на наявність спільних консервативних мотивів за допомогою алгоритму MEME Suite 5.5.2 (<https://meme-suite.org/meme/index.html>), а також було здійснено аналіз наявності функціональних доменів за допомогою алгоритму Pfam, інтегрованого у сервіс InterPro (<https://www.ebi.ac.uk/interpro/>) [7, 8]. Локалізація доменів була візуалізована за допомогою програмного забезпечення TVtools v1.108 [9].

Для філогенетичного аналізу амінокислотні послідовності (як повних білків, так і їх окремих доменів) були вирівняні за допомогою алгоритму MUSCLE [10], інтегрованого у програмне забезпечення MEGA-X, після чого були відредаговані для видалення переривчастих ділянок (гепів) [11]. Філогенетичні дерева були побудовані з використанням того ж самого програмного забезпечення – MEGA-X. Дерева були сконструйовані за допомогою методу Neighbor-Joining (NJ) за моделлю JTT (Jones-Taylor-Thornton) з уніформними значеннями та бустреп-підтримкою в 1000 ітерацій.

Результати та обговорення

Загалом у геномі рижію було виявлено 15 генів ліпаз триацилгліцеролів, серед яких один

ген виявився псевдогеном (його не було включено до подальших аналізів) (табл. 2). Усі гени були представлені у вигляді гомеологічних триплетів, локалізованих на гомологічних хромосомах.

Переважна більшість ідентифікованих ліпаз була анована як тригліцерол-ліпази 1 та 2 (TAG lipase 1, TAG lipase 2) або як цукорзалежні ліпази (SDP1 lipase). За даними UniProt, більшість ліпаз з цих груп специфічно експресуються у насінні та розщеплюють саме ліпиди насіння. За результатами проведеного філогенетичного аналізу ці ліпази розподіляються на дві окремі групи (рис. 1). Варто зазначити, що ліпази першої групи характеризуються меншою довжиною амінокислотної послідовності: 369–421 а. з. у більшості білків та 703–704 а. з. у XP_010459463 та XP_010498234. У той же час послідовності ліпаз другої групи виявилися значно довгими та варіювали у діапазоні 806–845 а. з.

Перша група ліпаз охоплює, окрім білків рижію, А та Б ліпази *C. antarctica*, а також ці ферменти з *R. miehei* та *T. lanuginosa*. Варто відзначити, що А ліпаза *C. antarctica* разом з ліпазами *R. miehei* та *T. lanuginosa* виокремлюється у базальну гілку по відношенню до представників першої групи. У той же час Б ліпаза *C. antarctica* потрапляє до клади, сестринської до білків рижію XP_010459463 та XP_010498234, які є найбільшими білками серед ліпаз цієї групи.

Таблиця 2. Ідентифіковані у геномі *C. sativa* гени триацилгліцерол-ліпаз

NCBI ID гена	NCBI ID білка	Довжина білка (а. з.)	Локус (хромосома : геномні координати у п. н.)	Функціональна анотація
104705689	XP_010420045	421	8:2'142'339..2'145'538	TAG lipase 2
104708721	XP_010423640	826	8:26'119'182..26'122'688	TAG lipase
104712383	XP_010427580	806	9:26'465'951..26'469'196	TAG lipase
104734421	XP_010452294	827	13:1'453'216..1'456'766	TAG lipase
104735437	XP_010453536	421	13:6'045'980..6'049'863	TAG lipase 2
104740539	XP_010459463	703	14:8'843'592..8'847'355	TAG lipase 2
104748710	XP_010468612	369	15:23'293'488..23'296'177	TAG lipase 1
104766703	XP_010488943	395	19:19'453'856..19'456'309	TAG lipase 1
104768592	XP_010490898	830	20:1'498'267..1'504'995	SDP1 lipase
104769650	XP_010492217	421	20:6'351'150..6'354'263	TAG lipase 2
104774729*	XP_010497519	126	unplScaff05027:6..587**	SDP1L lipase
104775959	XP_010498234	704	3:8'337'443..8'340'996	TAG lipase 2
104781618	XP_010504636	810	4:21'323'605..21'326'849	SDP1L lipase
104792005	XP_010516321	845	6:17'715'850..17'719'252	SDP1L lipase
104793377	XP_010518035	394	1:17'629'296..17'631'187	TAG lipase 1

Примітки: * – псевдоген; ** – нерозміщений скефолд, NW_010926115.1.

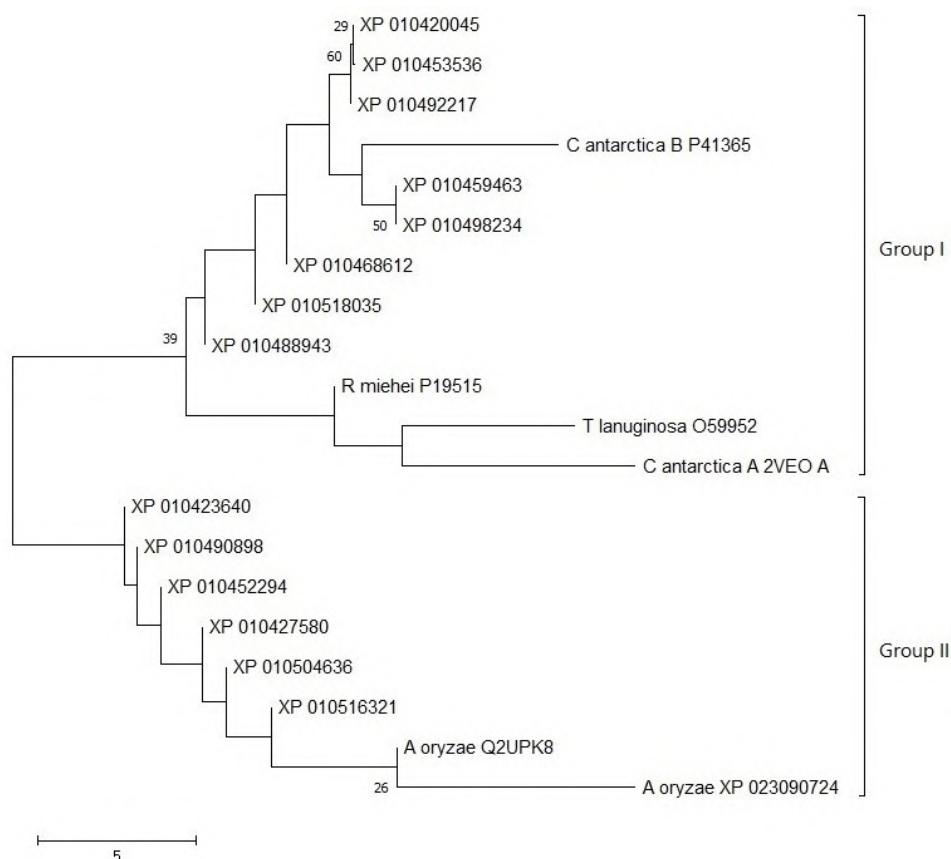


Рис. 1. Філогенетичне дерево, що відображає розподіл аналізованих ліпаз та дві еволюційні групи згідно їх амінокислотних послідовностей. Дерева побудовано за допомогою методу NJ з бутстреп-підтримкою у 1000 ітерацій.

Друга філогенетична група ліпаз включає два гомеологічні триплетні ліпази рижію, а також дві ліпази *A. oryzae* (XP_001818509, XP_023090724). Ця клада має «драбинчасту» топологію, що свідчить про недостатню кількість відмінностей у послідовностях ліпаз цієї групи, аби було можливим розподілити їх на окремі клади нижчого порядку. Варто також відзначити, що ліпази *A. oryzae* виокремлюються у кінцеву гілку, яка не є сестринською кладою до жодного з триплетів гомеологів.

У ході подальшого аналізу було виявлено наявність ряду консервативних мотивів послідовностей, спільних для переважної більшості аналізованих білків (рис. 2). Встановлено, що послідовності ліпаз *C. antarctica*, *R. miehei* та *T. lanuginosa* не мають спільних мотивів у послідовностях, які були б характерними для інших аналізованих ліпаз. У той же час послідовності ліпаз *A. oryzae* містять 4 або 6 мотивів з 12 типових для рижію. Зокрема, ліпаза Q2UPK8 містить мотиви 1, 4, 6 та 7, а ліпаза XP_023090724 додатково має ще і мотиви 5 та 9. У ліпази

XP_010423640, яка входить до другої філогенетичної групи, виявлено додатковий (ймовірно дуплікований) 9-й мотив у С-кінцевому регіоні білка, в той час як інші послідовності ліпаз рижію з цієї групи зберігають однакову організацію послідовностей. В свою чергу, ліпази першої групи характеризуються дещо менш консервативною організацією. Зокрема, атипові за довжиною представники цієї групи (XP_010459463 та XP_010498234) мають лише три мотиви у своїх послідовностях – це мотиви 5, 8 та 12. Інші представники ліпаз рижію цієї групи зберігають сталу структуру мотивів послідовностей.

Подальше дослідження організації функціональних доменів ліпаз (рис. 3) дозволило виявити критично важливі фрагменти послідовностей, описані вище як консервативні мотиви. Зокрема, було виявлено, що білки другої групи містять два ключових домени: триацигліцерол-ліпазний та ацилтрансферазний, які охоплюють більше половини від загальної довжини послідовності (рис. 3 Г).

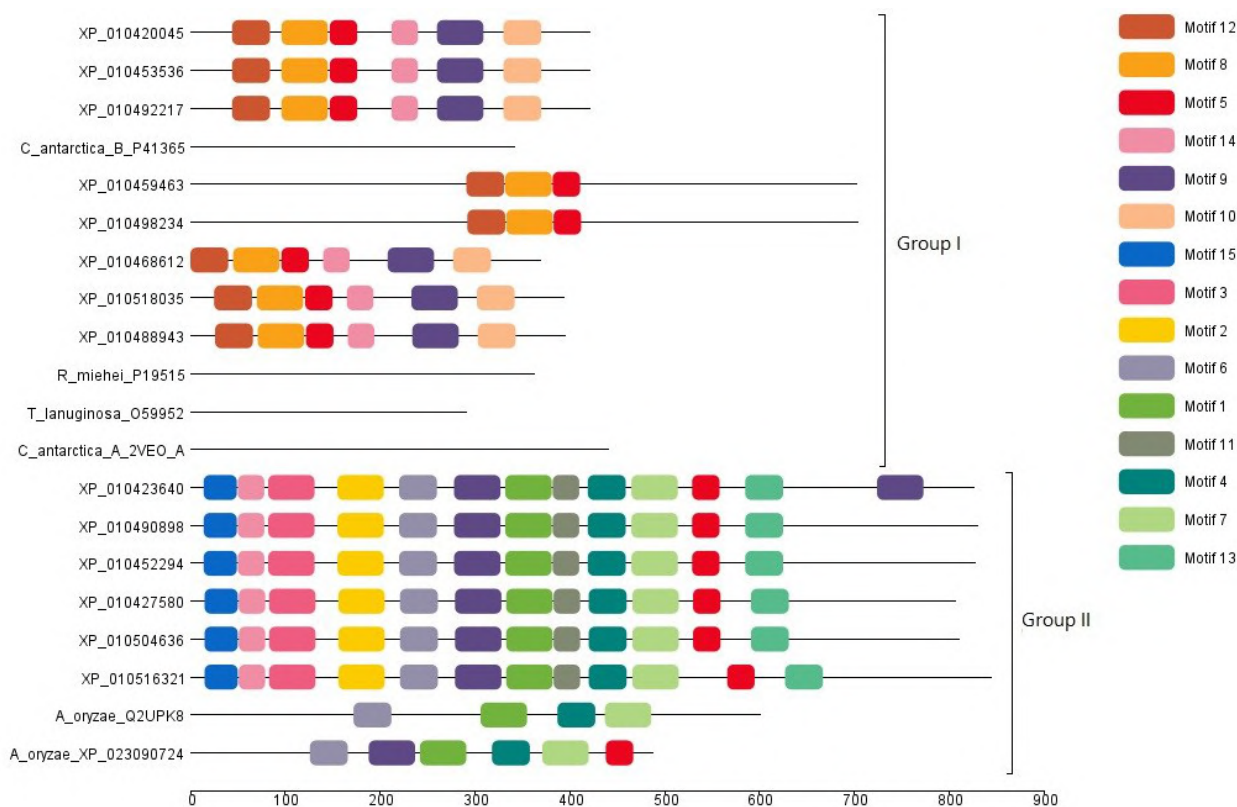


Рис. 2. Розподіл консервативних мотивів амінокислотних послідовностей аналізованих ліпаз. Шкала розміру консервативних мотивів вказана у одиницях амінокислотних залишків.

Відповідно, більшість спільних мотивів, виявлених для білків *A. oryzae* та рижію, припадають саме на ацилтрансферазний домен, а саме на регіон, який ідентифікується як пататин-подібний домен (рис. 3 Д), у той час, як на триацигліцерол-ліпазний домен припадає лише один консервативний 6-й мотив, біля С-кінця домену. Результати окремого філогенетичного аналізу еволюції цих двох доменів (рис. 3 А, Б) свідчать про чіткий розподіл аналізованих ліпаз 2-ї групи на три основні клади. Окремо виділяються триплети гомеологічних генів: у випадку ацилтрансферазного домену у дві великі сестринські клади (рис. 3 Б), а при аналізі триацигліцерол-ліпазного домену білок XP_010427580 виокремлюється в базальну гілку для усіх ліпаз рижію з цієї групи. Варто зазначити, що при загальному аналізі повних білкових послідовностей (рис. 1) такого чіткого розподілу гомеологів ліпаз рижію другої групи не спостерігається. В обох випадках ліпази *A. oryzae* знаходяться у базальних гілках (або у спільній базальній кладі) за відношенням до усієї групи.

Перша група ліпаз характеризується наявністю спільного для усіх ліпаз А/В-гідролазного домену (рис. 3 Е). Подальший аналіз більш спеціалізованих малих доменів дозволяє виявити регіон А/В-гідролазного домену, специфічного для ліпаз (АВ-hydrolase lipase domain), який зазвичай розташовується на N-кінці А/В-гідролазного домену. Наявність цього малого домену була встановлена для усіх без винятку ліпаз рижію. Цей домен припадає на три консервативні мотиви (5, 8, 12), ідентифіковані для усіх представників ліпаз рижію першої групи. В той же час, як і у випадку мотивів послідовностей, доменна будова ліпаз інших видів суттєво відрізняється (рис. 3 Є). Зокрема, у А та Б ліпаз *C. antarctica* не було ідентифіковано спеціалізованого ліпазного регіону всередині А/В-гідролазного домену, а білки представників *R. miehei* та *T. lanuginosa* натомість містять домен, специфічний для ліпаз грибів. Більше того ліпаза *T. lanuginosa* також містить додатковий моно-/діацигліцерол-ліпазний домен, який не був виявлений у жодного з інших аналізованих білків (рис. 3 Є).

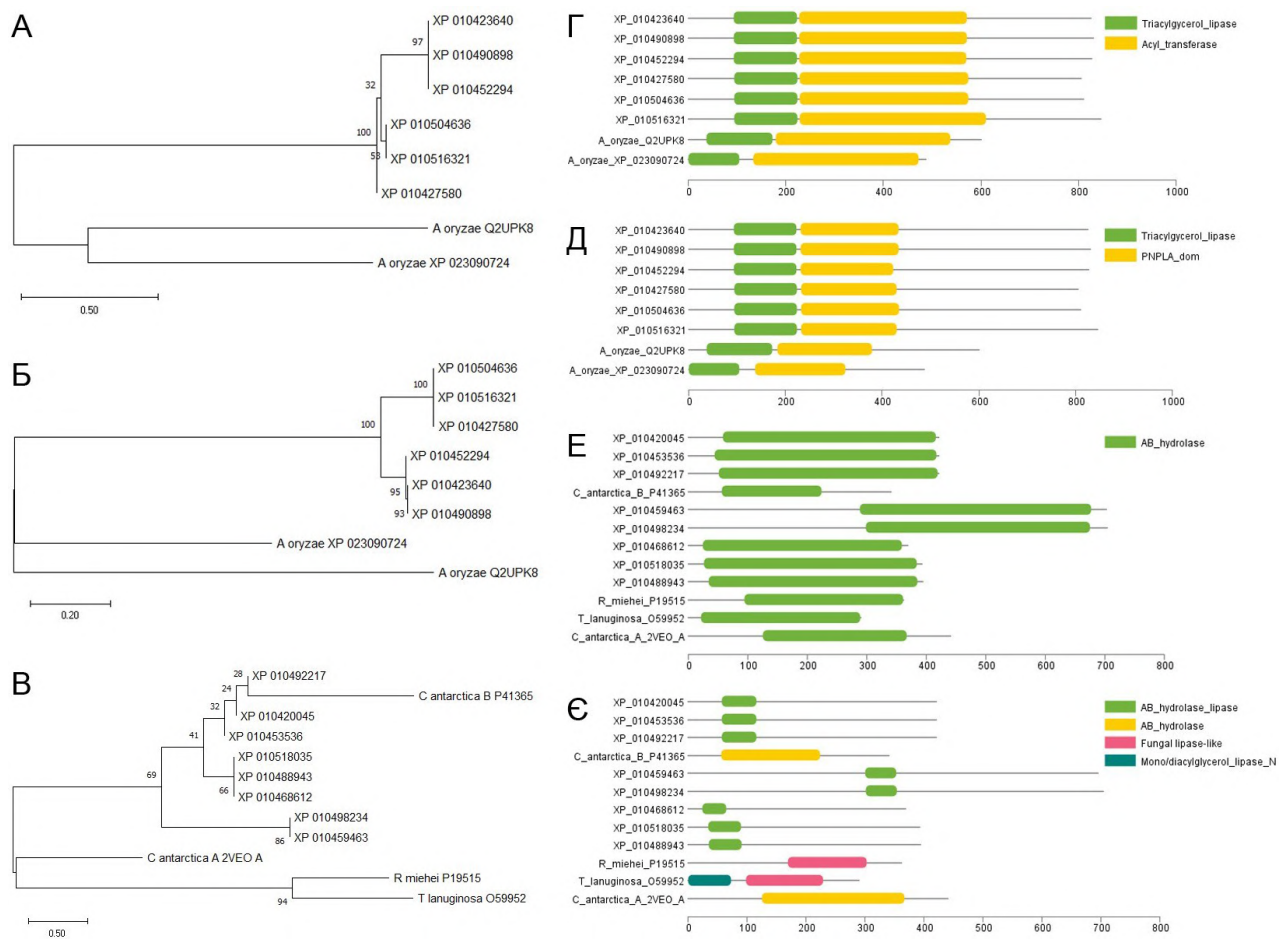


Рис. 3. Відмінності функціональних доменів аналізованих ліпаз: А – філогенетичний аналіз триацилгліцерол-ліпазного домену; Б – філогенетичний аналіз ацилтрансферазного домену; В – філогенетичний аналіз фрагменту А/В-гідролазного домену, характерного для ліпаз. Доменна будова білків ліпаз (Г–Є): Г – локалізація триацилгліцерол-ліпазного та ацилтрансферазного доменів; Д – локалізація триацилгліцерол-ліпазного та пататин-подібного доменів; Е – локалізація А/В-гідролазного домену; Є – локалізація специфічних регіонів А/В-гідролазного домену ліпаз. Шкала розміру доменів вказана у одиницях амінокислотних залишків. Філогенетичні дерева побудовано за допомогою методу NJ з бутстреп-підтримкою у 1000 ітерацій.

Філогенетичний аналіз А/В-гідролаз-ліпазних доменів та аналогічних регіонів у різних видів наведено на рис. 3 В. Загальна топологія реконструйованого філогенетичного дерева для цих доменів значною мірою відповідає топології гілки першої групи ліпаз із загального дерева, наведеного на рис. 1. Однак, у випадку цього аналізу Б ліпаза *C. antarctica* була виділена у спільну кладу з іншим білком рижію – XP_010492217.

Загалом, ферментативна активність ліпаз, зокрема Б ліпази *C. antarctica*, визначається присутністю каталітичної тріади (Ser-Asp-His) у А/В-гідролазному домені білка [6]. Раніше повідомлялось, що А ліпаза *C. antarctica* вирізняється значною специфічністю до насичених жирних кислот [12]. Також було показано, що ліпази *A. oryzae* мають помірно високу специфіч-

ність до ненасичених жирних кислот у складі тригліцеридів (олеїнова, лінолева й ін.) та доволі ефективно трансестерифікують оливкову олію, яка вирізняється високим вмістом довголанцюгових ненасичених жирних кислот, як і олія рижію [13]. При цьому раніше було показано, що ліпази *R. miehei* характеризуються високою ефективністю конверсії олії авокадо, яка також містить велику кількість ненасичених кислот, аналогічно до рижію [14], хоча і при аналізі послідовностей каталітичних доменів ця ліпаза є чи не найвіддаленішою від гомологів рижію. Отже, найвірогідніше, основні відмінності у специфічності ліпаз забезпечуються не лише особливостями послідовностей, а радше амінокислотною композицією активного центру цих ферментів. Вивчення подібних закономірностей вимагає подальших досліджень із залу-

ченням аналізу тривимірних структурних моделей згаданих білків.

Висновки

Ідентифіковано гени триацилгліцерол-ліпаз рижію та проаналізовано закономірності доменної структури відповідних послідовностей комерційно доступних ліпаз. Аналіз доменної будови цих білків та ідентифікація консервативних мотивів їх послідовностей дозволила встановити міру дивергенції функціональних регіонів у ліпаз рижію та інших віддалених видів. Виявлено ліпази, найбільш подібні за послідовностями та доменною організацією до ліпаз

рижію, а, отже, потенційно можуть бути використані для більш ефективної трансестерифікації олії зі специфічними жирнокислотним складом для саме цього виду. Однак прямої залежності між подібністю послідовності та високою ефективністю конверсії ліпідів, подібних за складом до рижію, не спостерігається.

Робота виконана за підтримки проекту «Оцінка технічних характеристик і відбір високоолійних рослин та мікроводоростей для отримання біодизелю» цільової комплексної науково-технічної програми наукових досліджень НАН України «Біологічні ресурси і новітні технології біоенергоконверсії» (2018–22 рр.).

References

1. Blume R. Y., Rakhmetov D. B., Blume Y. B. Evaluation of Ukrainian *Camelina sativa* germplasm productivity and analysis of its amenability for efficient biodiesel production. *Ind. Crop. Prod.* 2022. Vol. 187 B. P. 115477. doi: 10.1016/j.indcrop.2022.115477.
2. Stamenković O. S., Gautam K., Singla-Pareek S. L., Dhankher O. P., Djalović I. G., Kostić M. D., Mitrović P. M., Pareek A., Veljković V. B. Biodiesel production from camelina oil: Present status and future perspectives. *Food Energy Secur.* 2021. Vol. 00. P. e340. doi: 10.1002/fes3.340.
3. Tao L., Milbrandt A., Zhang Y., Wang W. C. Techno-economic and resource analysis of hydroprocessed renewable jet fuel. *Biotechnol. Biofuels.* 2017. Vol. 10. P. 261. doi: 10.1186/s13068-017-0945-3.
4. Blume R. Ya. Current state and perspectives of false flax (*Camelina sativa*) cultivation in Ukraine. *Factors Exp. Evol. Organisms.* 2022. Vol. 31. P. 28–34. doi: 10.7124/FEEEO.v31.1480. [in Ukrainian]
5. Zanetti F., Alberghini B., Jeromela A. M., Grahovac N., Rajković D., Kiproviski B., Monti A. Camelina, an ancient oilseed crop actively contributing to the rural renaissance in Europe. A review. *Agron. Sustain. Dev.* 2021. Vol. 41. P. 2. doi: 10.1007/s13593-020-00663-y.
6. Verdasco-Martín C. M., Villalba M., dos Santos J. C. S., Tobajas M., Fernandez-Lafuente R., Otero C. Effect of chemical modification of Novozym 435 on its performance in the alcoholysis of camelina oil. *Biochem. Eng. J.* 2016. Vol. 111. P. 75–86. doi: 10.1016/j.bej.2016.03.004.
7. Bailey T. L., Johnson J., Grant C. E., Noble W. S. The MEME Suite. *Nucleic Acids Res.* 2015. Vol. 43 (W1). P. W39–W49. doi: 10.1093/nar/gkv416.
8. Paysan-Lafosse T., Blum M., Chuguransky S., Grego T., Pinto B. L., Salazar G. A., Bileschi M. L., Bork P., Bridge A., Colwell L., Gough J., Haft D. H., Letunic I., Marchler-Bauer A., Mi H., Natale D. A., Orengo C. A., Pandurangan A. P., Rivoire C., Sigrist C. J. A., Sillitoe I., Thanki N., Thomas P. D., Tosatto S. C. E., Wu C. H., Bateman A. InterPro in 2022. *Nucleic Acids Res.* 2023. Vol. 51 (D1). P. D418–D427. doi: 10.1093/nar/gkac993.
9. Chen C., Chen H., Zhang Y., Thomas H. R., Frank M. H., He Y., Xia R. TBtools: An integrative toolkit developed for interactive analyses of big biological data. *Mol. Plant.* 2020. Vol. 13 (8). P. 1194–1202. doi: 10.1016/j.molp.2020.06.009.
10. Edgar R. C. MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucleic Acid. Res.* 2004. Vol. 32 (5). P. 1792–1797. doi: 10.1093/nar/gkh340.
11. Kumar S., Stecher G., Li M., Niyaz C., Tamura, K. MEGA X: molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Mol. Biol. Evol.* 2018. Vol. 35. P. 1547–1549. doi: 10.1093/molbev/msy096.
12. Akanbi T. O., Barrow C. J. *Candida antarctica* lipase A effectively concentrates DHA from fish and thraustochytrid oils. *Food Chem.* 2017. Vol. 229. P. 509–516. doi: 10.1016/j.foodchem.2017.02.099.
13. Toida J., Arikawa Y., Kondou K., Fukuzawa M., Sekiguchi J. Purification and characterization of triacylglycerol lipase from *Aspergillus oryzae*. *Biosci. Biotechnol. Biochem.* 1998. Vol. 62 (4). P. 759–763. doi: 10.1271/bbb.62.759.
14. Caballero E., Soto C., Olivares A., Altamirano C. Potential Use of avocado oil on structured lipids MLM-type production catalysed by commercial immobilised lipases. *PLoS ONE.* 2014. Vol. 9 (9). P. e107749. doi: 10.1371/journal.pone.0107749.

HOTSULIAK V. Y., BLUME R. Y., BLUME Y. B.

Institute of Food Biotechnology and Genomics, Natl. Acad. Sci. Ukraine, Ukraine, 04123, Kyiv, Baidy-Vyshnevet'skoho str., 2A

COMPARATIVE ANALYSIS OF CAMELINA SATIVA AND FUNGAL INDUSTRIAL LIPASES USED FOR BIODIESEL PRODUCTION

Aim. To identify the genes of false flax (*Camelina sativa*) endogenous lipases and to analyze the sequence similarity of their key functional domains with those of commercially available lipases. **Methods.** A detailed search of the databases was carried out in order to identify the sequences of lipases of various species, as well as their sequences were aligned, conservative sequence motifs were identified, the domain structure of the detected proteins was established, and

phylogenetic analysis was carried out. **Results.** 15 triacylglycerol lipase genes were identified, and corresponding sequences of lipases for commercially available products were identified as well. Their domain structure was analyzed, and the level of sequence divergence of their functional regions was also revealed. **Conclusions.** The lipases that are most similar in terms of sequence and domain organization to the lipases of false flax have been identified, and therefore could potentially be used for more effective transesterification of oil with a specific fatty acid composition for this species.

Keywords: False flax, oilseed crops, *Camelina sativa*, biodiesel, lipase, transesterification, genome-wide analysis.