

СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ПЕРВИЧНОЙ СТРУКТУРЫ ЛИПАЗ СЕМЕЙСТВА MUCORACEAE

Беленова А.С., Ковалева Т.А., Трофимова О.Д., Багно О.П.

Воронежский государственный университет, Биолого-почвенный факультет, кафедра
биофизики и биотехнологии,
Россия, 394006, г. Воронеж, Университетская площадь д.1,
Тел.:(4732) 20-85-86, факс: (4732) 59-31-52,
E-mail: alenca198322@mail.ru

Выполнен сравнительный анализ первичных структур липаз семейства Mucoraceae (*Rhizomucor miehei*, *Rhizopus niveus*, *Rhizopus arrhizus*, *Rhizopus oryzae*). Показано, что степень их гомологии составляет 61.7%. В состав консервативных областей аминокислотных последовательностей рассматриваемых липаз входят следующие компоненты: остатки Ser, выполняющие в каталитической триаде функцию связывания фермента с субстратом; Leu, являющийся составным элементом оксианионной щели (наряду с Thr, располагающимся у большинства плесневых эстераз у основания домена-«крышки»), остатки аспарагиновой кислоты и гистидина, осуществляющие разрыв сложноэфирных связей в молекулах триглицеридов. Показано, что 6 остатков цистеина, участвующие в образовании дисульфидных мостиков, занимают фиксированные позиции, а для трех липаз рода *Rhizopus* входят в состав гомологичных участков цепи.

При исследовании структуры липазы с помощью программы MolScript v.2.1 установлено, что для каждой субъединицы фермента характерно наличие 7 спиралей, 9 β -тяжей и 15 аморфных участков. Данный фермент относится к α/β -белкам: ~28% остатков содержится в спиральных участках и 24% в β -тяжах.

Анализ экспериментальных данных по химической инактивации липазы фенилметилсульфонилфторидом, исследование стехиометрии реакции ингибирования позволили сделать заключение о наличии в активном центре липазы одной ОН- группы Ser.

При изучении четвертичной структуры липазы из *R. japonicus* методом гель-хроматографии показано, что молекула фермента представляет собой сложный олигомерный белок, состоящий из двух симметричных субъединиц с молекулярными массами 46 кДа, обладающих каталитической активностью.

Таким образом, компьютерное моделирование структуры сложных олигомерных ферментов в сочетании с методами ИК-спектроскопии, энзиматических методов анализа, ионообменной и гель-хроматографии позволяет дать более корректную трактовку результатов исследования структурно-функциональных свойств гидролаз и способствует выявлению молекулярных механизмов реакции гидролиза полисахаридов.