

DOI: <https://doi.org/10.21323/2618-9771-2025-8-4-472-478>



Поступила 17.06.2025

Поступила после рецензирования 09.10.2025

Принята в печать 13.10.2025

© Гаравири М., Дегтярев И. А., Алексаночкин Д. И., Фоменко И. А., Машенцева Н. Г., 2025

<https://www.fsjour.com/jour>

Научная статья

Открытый доступ

МОДЕЛИРОВАНИЕ ПРОЦЕССА ФЕРМЕНТАТИВНОГО ГИДРОЛИЗА РАСТИТЕЛЬНЫХ БЕЛКОВ *IN SILICO* И ПРОГНОЗИРОВАНИЕ БИОЛОГИЧЕСКОЙ АКТИВНОСТИ ОБРАЗУЮЩИХСЯ ПЕПТИДОВ

Гаравири М., Дегтярев И. А.*; Алексаночкин Д. И., Фоменко И. А., Машенцева Н. Г.

Российский биотехнологический университет, Москва, Россия

КЛЮЧЕВЫЕ СЛОВА: АННОТАЦИЯ

пептиды,
гидролизаты,
биологическая
активность,
растительные белки,
нут, рапс, конопля,
in silico

Традиционный подход к получению, идентификации и подтверждению биологической активности пептидов является трудоемким и занимает много времени. Развитие биоинформатики и компьютерного моделирования позволило предварительно проводить теоретическую оценку потенциальной биологической активности пептидов. Целью исследования являлось проведение теоретического ферментативного гидролиза *in silico* белков нута, рапса и конопли, а также прогнозирование профиля потенциальной биологической активности образующихся пептидов с использованием инструментов биоинформатики. В результате поиска исходных аминокислотных последовательностей белков нута, рапса и конопли в БД UniProtKB по ключевым словам «*Cicer arietinum*», «*Brassica napus*», «*Cannabis sativa*», а также происхождению белка — «Storage protein», у белков нута было обнаружено 5 изоформ легумина, 3 изоформы вицилина и 2 изоформы провизицина; рапсовые белки содержали 6 изоформ белка круциферина и 7 изоформ напина; конопляные белки содержали 3 изоформы эдестина-1 и эдестина-2, 2 изоформы эдестина-3 и 1 изоформу альбумина. После гидролиза с использованием инструментов базы данных BIOPEP-UWM было получено 10131 аминокислотная последовательность белков нута, 7206 аминокислотных последовательностей белков рапса и 8479 аминокислотных последовательностей белков конопли. В результате классификации полученных пептидов по предсказанной величине их биологической активности с помощью PeptideRanker, а также после предсказания токсичности, горечи и аллергенности, было выявлено 35 биологически активных пептидов (БАП) из белков нута, 21 — из белков рапса и 22 — из белков конопли. Для белков нута было предсказано 29 потенциальных ингибиторов АПФ, 27 ингибиторов DPP IV, 6 онкостатических, 4 антиоксидантных, 4 противогрибковых пептида и 3 антигипертензивных; для рапса определено 22 потенциальных ингибитора DPP IV и 20 ингибиторов АПФ, 5 противогрибковых пептидов, 3 пептида с потенциальным антиоксидантным эффектом, 3 с антитромботическими свойствами, 2 антигипертензивных пептида, 2 с онкостатическими свойствами и 1 с антибактериальной активностью; для 16 пептидов конопли определена потенциальная АПФ-ингибирующая активность, 15 являются ингибиторами DPP IV, 7 с противогрибковой активностью, 5 с антиоксидантным и онкостатическим эффектом, 4 с антигипертензивными свойствами, 1 с противотуберкулезным эффектом. В перспективе необходимы дальнейшие исследования *in vitro* и *in vivo* для подтверждения биологической активности, т. к. имеется потенциальное расхождение между результатами *in silico* моделирования гидролиза и прогнозирования биологической активности и данными экспериментальных исследований.

ФИНАНСИРОВАНИЕ: Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда (проект № 25-16-00178).

Received 17.06.2025

Accepted in revised 09.10.2025

Accepted for publication 13.10.2025

© Gharaviri M., Degtyarev I. A., Aleksanochkin D. I., Fomenko I. A., Mashentseva N. G., 2025

Available online at <https://www.fsjour.com/jour>

Original scientific article

Open access

MODELING OF THE PROCESS OF ENZYMATIC HYDROLYSIS OF PLANT PROTEINS *IN SILICO* AND PREDICTION OF THE BIOLOGICAL ACTIVITY OF THE RESULTING PEPTIDES

Mahmood Gharaviri, Ivan A. Degtyarev,* Denis I. Aleksanochkin, Ivan A. Fomenko, Natalya G. Mashentseva

Russian Biotechnological University, Moscow, Russia

KEYWORDS:

peptides, hydrolysates,
biological activity,
plant proteins,
chickpea, rapeseed,
hemp, *in silico*

ABSTRACT

The traditional approach to obtaining, identifying, and confirming the biological activity of peptides is laborious and time-consuming. The development of bioinformatics and computer modeling made it possible to carry out a preliminary theoretical assessment of the potential biological activity of peptides. The aim of the study was to carry out theoretical enzymatic hydrolysis *in silico* of chickpea, rapeseed and hemp proteins, as well as to predict the profile of potential biological activity of the resulting peptides using bioinformatics tools. As a result of the search for the initial amino acid sequences of chickpea, rapeseed and hemp proteins in the UniProtKB database using the keywords “*Cicer arietinum*”, “*Brassica napus*”, “*Cannabis sativa*”, as well as the origin of the protein — “Storage protein”, 5 isoforms of legumin, 3 isoforms of vicilin and 2 isoforms of provicilin were found in chickpea proteins; rapeseed proteins contained 6 isoforms of cruciferin protein and 7 isoforms of napine; hemp proteins contained 3 isoforms of edestin-1 and edestin-2, 2 isoforms of edestin-3 and 1 isoform of albumin. After hydrolysis using the tools of the BIOPEP-UWM database, 10,131 amino acid sequences of chickpea proteins, 7,206 amino acid sequences of rapeseed proteins and 8,479 amino acid sequences of hemp proteins were obtained. As a result of the classification of the obtained peptides according to the predicted value of their biological activity using PeptideRanker, as well as after predicting toxicity, bitterness and allergenicity, 35 biologically active peptides (BAPS) were identified from chickpea proteins, 21 from rapeseed proteins and 22 from hemp proteins. For chickpea proteins, 29 potential ACE inhibitors, 27 DPP IV inhibitors, 6 oncstatic, 4 antioxidant, 4 antifungal and 3 antihypertensive peptides were predicted. For rapeseed, 22 potential DPP IV

ДЛЯ ЦИТИРОВАНИЯ: Гаравири, М., Дегтярев, И. А., Алексаночкин, Д. И., Фоменко, И. А., Машенцева, Н. Г. (2025). Моделирование процесса ферментативного гидролиза растительных белков *in silico* и прогнозирование биологической активности образующихся пептидов. *Пищевые системы*, 8(4), 472–478. <https://doi.org/10.21323/2618-9771-2025-8-4-472-478>

FOR CITATION: Gharaviri, M., Degtyarev, I. A., Aleksanochkin, D. I., Fomenko, I. A., Mashentseva, N. G. (2025). Modeling of the process of enzymatic hydrolysis of plant proteins *in silico* and prediction of the biological activity of the resulting peptides. *Food Systems*, 8(4), 472–478. <https://doi.org/10.21323/2618-9771-2025-8-4-472-478>

inhibitors and 20 ACE inhibitors, 5 antifungal peptides, 3 peptides with potential antioxidant effect, 3 with antithrombotic properties, 2 antihypertensive peptides, 2 with oncostatic properties and 1 with antibacterial activity were determined. Potential ACE-inhibiting activity was determined for 16 hemp peptides, 15 are DPP IV inhibitors, 7 have antifungal activity, 5 have antioxidant and oncostatic effects, 4 have antihypertensive properties, 1 has antituberculous effect. In the future, further *in vitro* and *in vivo* studies are needed to confirm biological activity, as there is a potential discrepancy between the results of *in silico* modeling of hydrolysis and prediction of biological activity and the data from experimental studies.

FUNDING: This work was performed under the Russian Science Foundation grant No. 25-16-00178.

1. Введение

Биологически активные пептиды (БАП), полученные на основе пищевых белков, все чаще рассматриваются как потенциальные функциональные ингредиенты ввиду их способности участвовать в регуляции физиологических процессов в организме человека, а также благодаря отсутствию побочных эффектов. Растущий интерес к БАП, полученным из пищевых белков, обусловлен высоким спросом на нутрицевтики природного происхождения. Это связано с их разнообразной биологической активностью, подчеркивающей потенциал пептидов в профилактике и лечении хронических заболеваний [1,2].

Также было отмечено, что функциональность и потенциальная биологическая активность определяются длиной пептидов и аминокислотной последовательностью [3]. Следовательно, функциональность пептидов напрямую зависит от фермента и параметров процесса деструкции белков. Благодаря эмпирическим исследованиям было идентифицировано более тысячи БАП, полученных на основе пищевых белков, часть из которых была коммерциализирована [1]. Наиболее распространенные методы получения БАП — ферментативный гидролиз с использованием ферментных препаратов растительного, животного и микробного происхождения, микробная ферментация, а также химический гидролиз и синтез, если известна аминокислотная последовательность [4]. Были описаны *in vitro* биологически активные пептиды, обладающие антиоксидантными [5], противодиабетическими [3], антигипертензивными [6] и другими свойствами.

Современные достижения в области протеомики и пептидомтики приводят к интеграции новых методов исследования — биоинформационных. В этой связи эксперименты *in silico* являются перспективными инструментами для проведения протеолиза и исследования теоретических биологических активностей пептидов. Классический подход к получению БАП является достаточно трудоемким процессом и занимает много времени, существует необходимость в использовании специфического и дорогостоящего оборудования — хроматографов и масс-спектрометров [7]. Перечисленные ограничения можно обойти за счет использования инструментов биоинформатики, что стало стратегическим подходом к поиску уже известных и новых пептидов на основе пищевых белков [8].

Протеомные исследования привели к накоплению обширных массивов данных о белковых структурах. Исследование БАП обычно начинается с получения аминокислотных последовательностей белков, для чего используют следующие базы данных (БД): UniprotKB (<https://www.uniprot.org/>), включающую более 120 млн последовательностей белков, Research Collaboratory for Structural Bioinformatics Protein Data Bank, имеющую 235 458 подтвержденных структур белков и 1068 577, полученных виртуально (RCSB PDB, <https://www.rcsb.org/>), и NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>), включающую данные из аннотированных записей в GenBank, RefSeq и TrEMBL, а также записи из БД SwissProt, PIR, PRF и PDB [7]. После получения белков с известными аминокислотными последовательностями проводят процесс ферментативной деструкции *in silico* — компьютерного моделирования с использованием БД BIOPEP-UWM-Enzymes Action и PeptideCutter-ExPASy (https://web.expasy.org/peptide_cutter/) [2,9]. В данных БД исследователь может выбрать отдельные протеазы из представленного перечня или их комбинацию: в последнем случае будет учтена специфика расщепления пептидных связей используемых ферментов при симуляции высвобождения пептидов из выбранного белка.

После получения профиля пептидов в результате ферментативного гидролиза *in silico* проводят оценку потенциальной биологической активности. Для оценки общей потенциальной биологической активности используют инструмент PeptideRanker, который изучает представленную аминокислотную последовательность на предмет вероятности быть биологически активной на основе нейронной сети N-to-1 [10]. Далее пептиды оценивают на предмет потенциальной токсичности в БД ToxinPred 3.0 [11] и горечи в БД BitterDB [12]. БД BIOPEP-UWM также позволяет предсказывать потенциальные био-

логические активности исследуемых пептидов [13]. Также возможно предсказать пептиды, являющиеся потенциальными аллергенами, с использованием БД AlgPred 2.0 [14]. Кроме того, их биологическую активность можно оценить с помощью специализированных ресурсов: антибактериальную — AntiBP2 [15], антигипертензивную — ANTPin [16], противотуберкулезную — AntiTbPred [17], противоопухолевую — AntiCP 2.0 [18] и противогрибковую — AntiFp [19].

Нут, рапс и конопля представляют собой ценные источники растительного белка, способные внести значительный вклад в решение проблемы обеспечения населения полноценным питанием. Нут характеризуется высоким содержанием белка, богатого лизином — незаменимой аминокислотой, являющейся лимитирующей. Рапс также содержит значительное количество белка, который может быть использован в пищевой промышленности после соответствующей обработки и выделения. Конопля, благодаря высокому содержанию белка в семенах, открывает новые возможности для производства белковых ингредиентов, адаптированных к различным отраслям пищевой индустрии. Развитие технологий переработки этих культур и интеграция растительных белков в состав пищевых продуктов, а также получение биологически активных пептидов на их основе способствует обеспечению населения полноценным и разнообразным питанием, снижению зависимости от источников животного белка и устойчивому развитию сельского хозяйства [20,21].

Целью настоящего исследования являлось проведение теоретического ферментативного гидролиза *in silico* белков нута, рапса и конопли, а также прогнозирование профиля потенциальной биологической активности образующихся пептидов с использованием инструментов биоинформатики.

2. Объекты и методы

Аминокислотные последовательности белков нута, рапса и конопли были получены в формате FASTA в БД UniProtKB. Поиск в данной БД был осуществлен на основе латинских наименований источников белков: «*Cicer arietinum*», «*Brassica napus*», «*Cannabis sativa*», а также с учетом типа белка — «Storage protein».

In silico протеолиз белков нута, рапса и конопли был проведен с помощью инструмента Enzymes Action в БД BIOPEP-UWM (<https://biochemia.uwm.edu.pl/biopep-uwm/>) с использованием ферментов пепсина, pH > 2,0 (EC3.4.23.1), трипсина (EC3.4.21.4), протеиназы К (EC3.4.21.67), папаина (EC3.4.22.2) и бромелаина (EC3.4.22.32). Для моделирования желудочно-кишечного пищеварения использовали комбинацию ферментов пепсин + трипсин.

Для дальнейших исследований были отобраны пептиды, обладающие потенциальной биологической активностью. PeptideRanker (<http://distilldeep.ucd.ie/PeptideRanker/>) присваивает баллы исследуемым аминокислотным последовательностям от 0 до 1,0. При значении $\geq 0,8$ считается, что пептид прогнозируется как биологически активный, при этом исключаются ложноположительные результаты [10].

Из полученного перечня пептидов были исключены те аминокислотные последовательности, для которых предсказана потенциальная токсичность и аллергенность в БД ToxinPred 3.0 (<https://webs.iitd.edu.in/raghava/toxinpred/design.php>) и AlgPred 2.0 (<https://webs.iitd.edu.in/raghava/algpred2/>), а также горькие пептиды, поиск которых был проведен на основе БД горьких пептидов BitterDB. Для оценки потенциальной горечи исследуемых пептидов была применена модель с установленным интерпретатором Python (версия 3.13) с использованием библиотеки Biopython для обработки FASTA-файлов, Pandas для обработки табличных данных и Scikit-learn для построения модели машинного обучения. Для предсказания горечи использовали данные БД BitterDB (https://bitterdb.agri.huji.ac.il/downloads/2024/?file=BitterCompoundsPropA_2024.csv). Из БД последовательностей горьких пептидов были извлечены признаки, характеризующие горечь, и на их основе был обучен классификатор горечи с помощью алгоритма Random Forest в Python. Для определения горьких пептидов был установлен порог Threshold $\geq 0,7$, исследуемые

пептиды были определены как горькие или негорькие на основе полученного прогноза.

После классификации пептидов на основе предсказанного уровня их биологической активности, токсичности, аллергенности и горечи проводили оценку потенциального профиля биологической активности в БД BIOPEP-UWM с использованием инструмента Profiles of potential biological activity. Выполняли поиск пептидов с потенциальными АПФ-ингибирующей, DPP-IV-ингибирующей и антиопухолевыми эффектами — в БД AntiTbPred (<https://webs.iiitd.edu.in/raghava/antitbpred/>) и AntiCP 2.0 (<https://webs.iiitd.edu.in/raghava/anticp2/>), противогрибковые пептиды — в БД Antifp (<https://webs.iiitd.edu.in/raghava/antifp/>).

3. Результаты и обсуждение

В белках нута 8–14% от общего содержания белков относятся к альбуминам. На глобулины приходится 55–60% общей белковой фракции. Основными белками нута являются 11S легумин, 7S вицилин и провизилин [22,23]. Рапсовые белки представлены преимущественно кротеином и напином [24]. Наиболее распространенными белками семян конопли являются эдестин (11S глобулин) и 2S альбумин [25].

В БД UniProtKB был проведен поиск белков нута, рапса и конопли. В Таблице 1 представлены Uniprot ID, наименование белков и количество аминокислотных остатков.

К основным запасным белкам нута, найденным в БД UniProtKB, были отнесены легумин, вицилин и провизилин. Суммарно для легумина было определено 5 изоформ, 3 изоформы — для вицилина и 2 изоформы — для провизилина. Рапсовые белки содержали 6 изоформ белка кротеина и 7 изоформ белка напина. Конопляные белки содержали 3 изоформы эдестина-1 и эдестина-2, 2 изоформы эдестина-3 и 1 альбумина.

Далее проводили моделирование расщепления пептидных связей в аминокислотных последовательностях белков нута, рапса и конопли в БД BIOPEP-UWM с использованием ферментов трипсина + пепсина, протеиназы К, папаина и бромелаина. Всего для белков нута было получено 10131 аминокислотная последовательность, из них пептидов, в которых присутствует три и более аминокислотных остатка — 2098. С белками рапса в результате протеолиза было получено 7206 аминокислотных последовательностей, полипептидов с тремя и более аминокислотных остатка — 1576. Общее количество аминокислотных последовательностей для белков конопли составило 8479, из них пептидов с тремя и более аминокислотных остатка — 1837.

Для дальнейших исследований были отобраны пептиды, которые содержали 3 и более аминокислотных остатка, что обусловлено более высокой структурной стабильностью и специфичностью взаимодействия с биологическими молекулами длинных пептидов, которые формируют устойчивые вторичные структуры [26]. Также короткие пептиды быстрее подвергаются ферментативной деструкции в биологических системах, что снижает их функциональную значимость [27]. Выбранный подход соответствует установленной практике в пептидомике и биоинформатике.

Далее с использованием инструментов БД PeptideRanker были отобраны пептиды, для которых вероятность проявлять биологическую активность составляла $\geq 0,8$:

- 50 пептидов нута;
- 38 пептидов рапса;
- 36 пептидов конопли.

При этом были исключены токсичные и горькие пептиды. Для определения токсичных пептидов воспользовались функцией Motif Scan Module в БД ToxinPred 3.0 на основе модели MERCI. Анализ аллергенности был проведен в БД AllgPred 2.0 в разделе Prediction of Allergens при стандартном значении порога Threshold $\geq 0,3$.

С учетом того, что некоторые аминокислотные последовательности пептидов встречались несколько раз при действии на изоформы белков нута, рапса и конопли различных ферментов, для нута было получено суммарно 50 БАП, при этом токсичных и аллергенных пептидов не обнаружено, а количество БАП, которые не были определены как горькие, составило 35. Для белков рапса было отобрано 38 пептидов со значением PeptideRanker Score $\geq 0,8$. Среди них 38 пептидов не являлись аллергенными и был обнаружен один токсичный пептид — PPPPQQCCNEL, полученный при действии фер-

Таблица 1. Аминокислотные последовательности запасных белков нута, рапса и конопли, полученные в БД UniProtKB, наименование белков и количество аминокислотных остатков
Table 1. Amino acid sequences of storage proteins of chickpea, rapeseed and hemp obtained in the UniProtKB database, name of proteins and the number of amino acid residues

№	Uniprot ID	Наименование белка	Количество аминокислотных остатков	Молекулярная масса, кДа
Нут				
1	Q9SMJ4	Legumin	496	56,25
2	A0A1S3E1N3	Legumin J	551	62,71
3	A0A3Q7XNW1	Legumin-like	500	56,27
4	A0A1S2XSB9	Legumin A-like	518	59,34
5	A0A1S2XVG1	Legumin J-like	532	60,37
6	A0A1S2XQR4	Vicilin-like	455	51,83
7	A0A1S2XQ88	Vicilin-like	446	51,08
8	A0A1S2Y087	Vicilin-like	593	69,39
9	Q304D4	Provicilin	453	51,42
10	A0A1S2XYZ0	Provicilin-like	558	64,65
Рапс				
1	P11090	Cruciferin	488	53,75
2	P33522	Cruciferin CRU4	465	51,37
3	P33523	Cruciferin BnC1	490	53,82
4	P33524	Cruciferin BnC2	496	54,29
5	P33525	Cruciferin CRU1	509	56,50
6	P17333	Napin	180	20,31
7	P01090	Napin-2	178	20,10
8	P24565	Napin-1A	110	12,69
9	P27740	Napin-B	178	20,11
10	P09893	Napin embryo-specific	186	21,01
11	P80208	Napin-3	125	14,03
12	P01091	Napin-1	133	15,29
Конопля				
1	A0A090CXP5	Edestin 1	511	58,43
2	A0A090CXP7	Edestin 1	511	58,52
3	A0A090DLH8	Edestin 1	511	58,50
4	A0A090CXP9	Edestin 2	491	55,97
5	A0A090DLI7	Edestin 2	491	55,97
6	A0A090CXP8	Edestin 2	491	55,98
7	A0A219D3H6	Edestin 3	491	55,93
8	A0A219D2X4	Edestin 3	493	56,08
9	A0A219D1L6	Albumin	142	16,74

мента бромелаина на белок P09893 (напин эмбриоспецифичный). Количество не горьких пептидов составило 21. Количество БАП для белков конопли составило 36, при этом не обнаружено потенциальных токсичных и аллергенных пептидов, а количество не горьких пептидов составило 22.

Результаты протеолиза белков *in silico* и распределения пептидов по группам представлены на Рисунке 1.

Далее проводили оценку потенциальной биологической активности отобранных пептидов в БД BIOPEP-UWM. Для всех исследуемых пептидов был проведен поиск совпадений с известными биологическими активными последовательностями. Также провели предсказание потенциальных антибактериальных пептидов (БД AntiB3.0), противогрибковых пептидов (БД Antifp), антигипертензивных пептидов (БД ANTPin) и пептидов с потенциальными противотуберкулезными и противоопухолевыми эффектами (AntiTbPred и AntiCP 2.0). Результаты предсказанных биологических активностей пептидов нута представлены на Рисунке 2.

Анализ потенциальной биологической активности пептидов показал, что БАП, полученные из белков нута, рапса и конопли, обладают большим потенциалом для применения в составе пищевых продуктов, в медицинских и фармацевтических исследованиях. Для нута количество пептидов, обладающих потенциальной

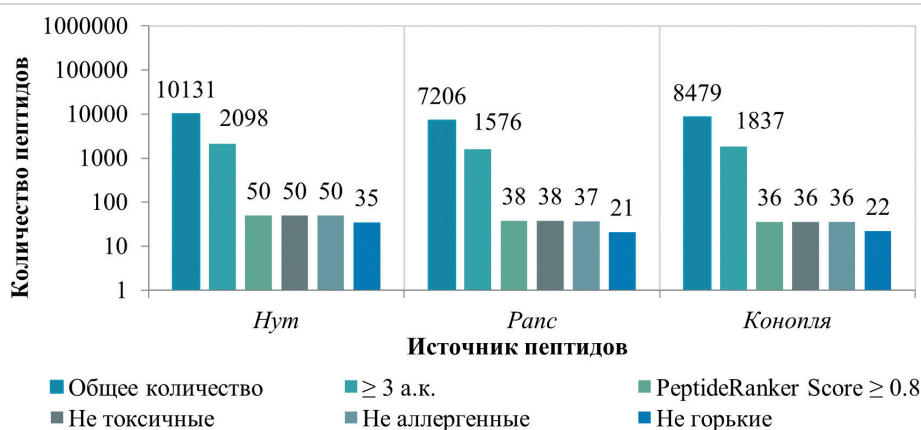


Рисунок 1. Результаты протеолиза белков нута, рапса и конопли, а также распределение пептидов по группам с использованием инструментов БД PeptideRanker, ToxinPred 3.0, AlgPred 2.0 и BitterDB
Figure 1. Results of proteolysis of chickpea, rapeseed and hemp proteins, and the distribution of peptides by groups using tools of the databases PeptideRanker, ToxinPred 3.0, AlgPred 2.0 and BitterDB

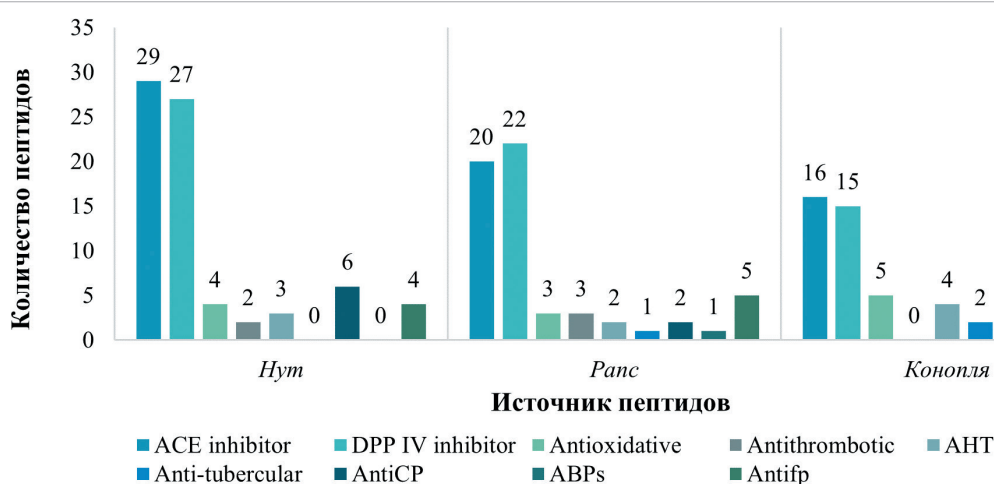


Рисунок 2. Результаты прогнозирования теоретической биологической активности пептидов нута, рапса и конопли с использованием инструментов БД BIOPEP-UWM, AntiBP 3.0, AHTpin, AntiTbPred и AntiCP 2.0, Antifp
Figure 2. Results of prediction of theoretical biological activity of chickpea, rapeseed and hemp peptides using the tools of the databases BIOPEP-UWM, AntiBP 3.0, AHTpin, AntiTbPred and AntiCP 2.0, Antifp

АПФ-ингибирующей (ACE inhibitors) активностью, составило 29, для рапса — 20, для конопли — 16. Количество ингибиторов DPP IV (гипогликемический эффект) составило 27 для нута, 22 и 15 — для рапса и конопли соответственно. Наибольшее количество антиоксидантных пептидов было предсказано для пептидов конопли — WSY, SWN, GCP, MYMR и MYG.

В Таблице 2 представлены пептиды, полученные в ходе *in silico* протеолиза белков нута, рапса и конопли, обладающие наиболее широким профилем потенциальной биологической активности.

В ходе гидролиза легумина J-подобного белка (A0A1S2XVG1) протеиназой K получены пептиды с потенциальной антитромботической активностью — DRF и QDEEDEDEDEQEQGHSQREEEDD DEDESHSHESRQKW. На основе белков рапса круциферина (P11090), круциферина BnC1 (P33523) и круциферина BnC2 (P33524) получен пептид WIEF под действием папаина или бромелаина, обладающий потенциальным антибактериальным эффектом. Для белка конопли альбумина (A0A219D1L6) с использованием папаина или бромелаина получен пептид MYMR с потенциальным антибактериальным эффектом. Среди исследуемых пептидов был обнаружен фрагмент QWR, полученный в ходе протеолиза белка круциферина CRU1 (Uniprot ID P33525) папаином, который обладает потенциальной антибактериальной активностью. В общем количестве для белков нута было получено 29 потенциальных ингибиторов АПФ, 27 ингибиторов DPP IV, 6 онкостатических, 4 антиоксидантных, 4 противогрибковых и 3 антигипертензивных пептида. Среди полученных пептидов рапса определено 22 потенциальных ингибитора DPP IV и 20 ингибиторов АПФ, 5 пептидов с антигипертензивным эффектом, 3 пептида с потенциальным антиоксидантным эффектом, 3 с антитромботическими свойствами, 2 антигипертензивных пептида, 2 с онкостатическими свойствами и 1 с антибактериальной активностью. Для 16 пепти-

дов конопли определена потенциальная АПФ-ингибирующая активность, 15 являются ингибиторами DPP IV, 7 с противогрибковой активностью, 5 с антиоксидантным и онкостатическим эффектами, 4 с антигипертензивными свойствами, 1 с противотуберкулезным эффектом.

В научной литературе описано применение ферментов, аналогичных тем, которые использовались в данном *in silico* исследовании. Была изучена способность пепсина высвобождать АПФ-ингибирующие пептиды из белков нута, фасоли, чечевицы, люпина и гороха [28]. Под действием фермента пепсин на белки подсолнечника, рапса и сои были получены пептиды с антиоксидантным эффектом, а при действии папаина на белки семян конопли высвобождались пептиды с онкостатическими свойствами [29]. Сообщалось об онкостатических, антимикробных и противовоспалительных эффектах пептидов нута, полученных при действии на белки ферментов пепсина, трипсина, химотрипсина, алкалазы, флаворизима и папаина [30].

Прогнозирование биологической активности пептидов с использованием методов биоинформатики может не всегда соответствовать экспериментальным данным *in vivo* [31], поскольку предсказанная биологическая активность зачастую не находит подтверждения в реальных исследованиях. По этой причине биоинформационный анализ следует рассматривать как эффективный инструмент предварительного скрининга или дополнительное средство исследования биологически активных пептидов. Точность биоинформационного прогнозирования напрямую зависит от качества и полноты данных в используемых базах. Включение экспериментально подтвержденных данных, в том числе посредством кластеризации, позволит существенно повысить надежность моделей предсказания биологической активности.

Таблица 2. Пептиды нута, рапса и конопли, обладающие широким профилем биологической активности

Table 2. Chickpea, rapeseed and hemp peptides with the broad profile of biological activity

№ п/п	Пептид	Белок	Uniprot ID	Фермент	Теоретическая активность
Пептиды нута					
	IPPG	Legumin J Legumin J-like	A0A1S3E1N3 A0A1S2XVG1	трипсин + пепсин бромелаин	ACE inhibitor, DPP IV inhibitor, non-ABPs, AHT, Non-Anti-tubercular, AntiCP, Antifungal
	PPR	Provicilin-like Legumin-like Legumin A-like	A0A1S2XYZ0 A0A3Q7XNW1 A0A1S2XSB9	трипсин + пепсин папаин бромелаин	ACE inhibitor, DPP IV inhibitor, non-ABPs, Non-AHT, Non-Anti-tubercular, Non AntiCP, Antifungal
	WSY	Legumin J-like	A0A1S2XVG1	трипсин + пепсин	DPP IV inhibitor, Non-AHT, Non-Anti-tubercular, Non AntiCP, Non-Antifungal
	GTCF	Legumin	Q9SMJ4	протеиназа К	ACE inhibitor, non-ABPs, Non-AHT, Non-Anti-tubercular, AntiCP, Non-Antifungal
	SDRF	Legumin Legumin A-like Legumin-like	Q9SMJ4 A0A1S2XSB9 A0A3Q7XNW1	протеиназа К	ACE inhibitor, DPP IV inhibitor, non-ABPs, Non-AHT, Non-Anti-Anti-tubercular, AntiCP, Antifungal
	GGCF	Legumin A-like	A0A1S2XSB9	протеиназа К	ACE inhibitor, Antioxidative, DPP IV inhibitor, non-ABPs, Non-AHT, Non-Anti-tubercular, AntiCP, Non-Antifungal
	WMF	Legumin Legumin-like	Q9SMJ4 A0A3Q7XNW1	папаин бромелаин	ACE inhibitor, DPP IV inhibitor, non-ABPs, Non-AHT, Non-Anti-tubercular, Non AntiCP, Antifungal
	SNRF	Vicilin-like	A0A1S2XQ88	протеиназа К	ACE inhibitor, DPP IV inhibitor, non-ABPs, Non-AHT, Non-Anti-tubercular, AntiCP, Non-Antifungal
	HYF	Legumin J	A0A1S3E1N3	папаин бромелаин	ACE inhibitor, Antioxidative, DPP IV inhibitor, non-ABPs, Non-AHT, Non-Anti-tubercular, Non AntiCP, Non-Antifungal
	SYF	Provicilin	Q304D4	папаин	ACE inhibitor, Antioxidative, DPP IV inhibitor, non-ABPs, Non-AHT, Non-Anti-tubercular, Non AntiCP, Non-Antifungal
	NHEXXXXXX XXXQQEG	Legumin-like	A0A3Q7XNW1	бромелаин	ACE inhibitor, DPP IV inhibitor, non-ABPs, AHT, Non-Anti-tubercular, Non AntiCP, Non-Antifungal
Пептиды рапса					
1.	GGP	Cruciferin Cruciferin BnC1	P11090 P33523	протеиназа К	ACE inhibitor, Antithrombotic, Antioxidative, DPP IV inhibitor, non-ABPs, Non-AHT, Non-Anti-tubercular, Non AntiCP, Non-Antifungal
2.	QQQF	Cruciferin CRU4	P33522	протеиназа К	ACE inhibitor, DPP IV inhibitor, non-ABPs, AHT, Non-Anti-tubercular, AntiCP, Non-Antifungal
3.	RGP	Cruciferin CRU1	P33525	протеиназа К	ACE inhibitor, Antithrombotic, Antioxidative, DPP IV inhibitor, non-ABPs, Non-AHT, Non-Anti-tubercular, Non AntiCP, Antifungal
4.	RCSGF	Cruciferin CRU4	P33522	протеиназа К	ACE inhibitor, DPP IV inhibitor, non-ABPs, Non-AHT, Non-Anti-tubercular, Non AntiCP, Antifungal
5.	MPR	Cruciferin CRU4	P33522	папаин бромелаин	ACE inhibitor, DPP IV inhibitor, non-ABPs, Non-AHT, Non-Anti-tubercular, Non AntiCP, Antifungal
6.	QWR	Cruciferin CRU1	P33525	папаин	DPP IV inhibitor, ABPs, Non-AHT, Non-Anti-tubercular, Non AntiCP, Antifungal
7.	MPG	Napin Napin-2 Napin-B Napin embryospecific Napin-3 Napin-1	P17333 P01090 P27740 P09893 P80208 P01091	папаин	ACE inhibitor, Antithrombotic, DPP IV inhibitor, non-ABPs, Non-AHT, Non-Anti-tubercular, Non AntiCP, Antifungal
8.	WIEF	Cruciferin Cruciferin BnC1 Cruciferin BnC2	P11090 P33523 P33524	папаин бромелаин	ACE inhibitor, DPP IV inhibitor, non-ABPs, Non-AHT, Anti-tubercular, AntiCP, Non-Antifungal
9.	CQQWL	Napin Napin-2 Napin-B Napin embryospecific Napin-3 Napin1	P17333 P01090 P27740 P09893 P80208 P01091	бромелаин	ACE inhibitor, DPP IV inhibitor, non-ABPs, AHT, Non-Anti-tubercular, Non AntiCP, Non-Antifungal
10.	CQQWIR	Napin-1A	P24565	бромелаин	ACE inhibitor, Antioxidative, DPP IV inhibitor, non-ABPs, Non-AHT, Non-Anti-tubercular, Non AntiCP, Non-Antifungal
Пептиды конопли					
1.	WSY	Edestin 1	A0A090CXP5 A0A090CXP7 A0A090DLH8	трипсин + пепсин	ACE inhibitor, Antioxidative, DPP IV inhibitor, non-ABPs, Non-AHT, Non-Anti-tubercular, Non AntiCP, Non-Antifungal
2.	SWN	Edestin 3	A0A219D2X4	трипсин + пепсин	Antioxidative, DPP IV inhibitor, non-ABPs, Non-AHT, Non-Anti-tubercular, Non AntiCP, Non-Antifungal
3.	GCP	Edestin 1	A0A090CXP5 A0A090CXP7 A0A090DLH8 A0A090CXP9 A0A090DLI7 A0A090CXP8	протеиназа К	Antioxidative, non-ABPs, Non-AHT, Non-Anti-tubercular, Non AntiCP, Non-Antifungal
4.	GQKCF	Edestin 1	A0A090CXP5 A0A090CXP7 A0A090DLH8	протеиназа К	ACE inhibitor, non-ABPs, AHT, Non-Anti-tubercular, Non AntiCP, Antifungal

Таблица 2. Окончание / Table 2. End

№ п/п	Пептид	Белок	Uniprot ID	Фермент	Теоретическая активность
5.	SHACF	Edestin 2	A0A090CXP9 A0A090CXP8	протеиназа К	ACE inhibitor, DPP IV inhibitor, non-ABPs, AHT, Non-Anti-tubercular, AntiCP, Non-Antifungal
6.	SRRF	Edestin 2	A0A090CXP9 A0A090DLI7 A0A090CXP8	протеиназа К	ACE inhibitor, DPP IV inhibitor, non-ABPs, Non-AHT, Non-Anti-Anti-tubercular, AntiCP, Antifungal
7.	HGRF	Albumin	A0A219D1L6	протеиназа К	ACE inhibitor, non-ABPs, Non-AHT, Non-Anti-tubercular, AntiCP, Non-Antifungal
8.	MYMR	Albumin	A0A219D1L6	папаин бромелаин	ACE inhibitor, Antioxidative, DPP IV inhibitor, non-ABPs, AHT, Anti-tubercular, AntiCP, Antifungal
9.	QCQF	Edestin 2	A0A090CXP9 A0A090DLI7 A0A090CXP8	бромелаин	ACE inhibitor, non-ABP, Non-AHT, Non-Anti-tubercular, Non AntiCP, Antifungal
10.	MYG	Edestin 3	A0A219D2X4	бромелаин	ACE inhibitor, Antioxidative, DPP IV inhibitor, Non-AHT, Non-Anti-tubercular, Non AntiCP, Antifungal
11.	SVCF	Edestin 2	A0A090CXP8 A0A219D3H6	папаин	ACE inhibitor, DPP IV inhibitor, non-ABPs, Non-AHT, Non-Anti-tubercular, Non AntiCP, Antifungal
12.	MCG	Albumin	A0A219D1L6	бромелаин	non-ABPs, Non-AHT, Non-Anti-tubercular, Non AntiCP, Antifungal

4. Выводы

Текущее исследование направлено на определение биологической активности пептидов, образующихся в ходе теоретического гидролиза белков нута, рапса и конопли с использованием ферментов трипси-на + папаина, протеиназы К, бромелаина и папаина. Для белков нута было получено суммарно 10 131 аминокислотная последовательность, 7 206 — для белков рапса и 8 479 — для белков конопли. В ходе прогнозирования потенциальной биологической активности в PeptideRanker, токсичности, аллергенности и горечи было получено 35 БАП из белков нута, 21 БАП из белков рапса и 22 БАП из белков конопли. Для белков нута было предсказано 29 потенциальных ингибиторов АПФ, 27 ингибиторов DPP IV, 6 онкостатических, 4 антиоксидантных, 4 противогрибковых пептида и 3 антигипертензивных. Среди пептидов рапса определено 22 потенциальных ингибитора DPP IV и 20 ингибиторов

АПФ, 5 с противогрибковой активностью, 3 пептида с потенциальным антиоксидантным эффектом, 3 с антитромботическими свойствами, 2 антигипертензивных пептида, 2 с онкостатическими свойствами и 1 с антибактериальной активностью. Для 16 пептидов конопли предсказана потенциальная АПФ-ингибирующая активность, 15 являются ингибиторами DPP IV, 7 с противогрибковой активностью, 5 с антиоксидантным и онкостатическим эффектами, 4 с антигипертензивными свойствами, 1 с противотуберкулезным эффектом.

Полученные в ходе *in silico* исследований не токсичные, не горькие и не аллергенные пептиды из нута, рапса и конопли требуют дальнейшей проверки *in vitro* и *in vivo*. Следует учитывать возможные расхождения между результатами *in silico* моделирования гидролиза и оценки биологической активности пептидов и данными экспериментальных исследований.

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК / REFERENCES

- Du, Z., Comer, J., Li, Y. (2023). Bioinformatics approaches to discovering food-derived bioactive peptides: Reviews and perspectives. *TrAC Trends in Analytical Chemistry*, 162, Article 117051. <https://doi.org/10.1016/j.trac.2023.117051>
- Du, C., Gong, H., Zhao, H., Zhang, L., Wang, P. (2024). Recent progress in the preparation of bioactive peptides using simulated gastrointestinal digestion processes. *Food Chemistry*, 453, Article 139587. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2024.139587>
- Rivero-Pino, F., Espejo-Carpio, F. J., Guadix, E. M. (2021). Unravelling the α -glucosidase inhibitory properties of chickpea protein by enzymatic hydrolysis and *in silico* analysis. *Food Bioscience*, 44(Part 4), Article 101328. <https://doi.org/10.1016/j.fbio.2021.101328>
- Toldrá, F., Gallego, M., Reig, M., Aristoy, M.-C., Mora, L. (2020). Recent progress in enzymatic release of peptides in foods of animal origin and assessment of bioactivity. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 68(46), 12842–12855. <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.9b08297>
- Cermeño, M., Bascón, C., Amigo-Benavent, M., Felix, M., FitzGerald, R. J. (2022). Identification of peptides from edible silkworm pupae (*Bombyx mori*) protein hydrolysates with antioxidant activity. *Journal of Functional Foods*, 92, Article 105052. <https://doi.org/10.1016/j.jff.2022.105052>
- Song, Y., Ju, J., Song, J., Wang, S., Cao, T., Lio, Z. et al. (2021). The antihypertensive effect and mechanisms of bioactive peptides from *Ruditapes philippinarum* fermented with *Bacillus natto* in spontaneously hypertensive rats. *Journal of Functional Foods*, 79, Article 104411. <https://doi.org/10.1016/j.jff.2021.104411>
- Villaró-Cos, S., Lafarga, T. (2023). Online tools to support teaching and training activities in chemical engineering: Enzymatic proteolysis. *Frontiers in Education*, 8, Article 1290287. <https://doi.org/10.3389/feduc.2023.1290287>
- Agyei, D., Tsopmo, A., Udenigwe, C.C. (2018). Bioinformatics and peptidomics approaches to the discovery and analysis of food-derived bioactive peptides. *Analytical and Bioanalytical Chemistry*, 410, 3463–3472. <https://doi.org/10.1007/s00216-018-0974-1>
- Guo, H., Hao, Y., Yang, X., Ren, G., Richer, A. (2023). Exploration on bioactive properties of quinoa protein hydrolysate and peptides: A review. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*, 63(16), 2896–2909. <https://doi.org/10.1080/10408398.2021.1982860>
- Mooney, C., Haslam, N. J., Pollastri, G., Shields, D. C. (2012). Towards the improved discovery and design of functional peptides: Common features of diverse classes permit generalized prediction of bioactivity. *PLoS ONE*, 7(10), Article e45012. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0045012>
- Gallego, M., Toldrá, F., Mora, L. (2022). Quantification and *in silico* analysis of taste dipeptides generated during dry-cured ham processing. *Food Chemistry*, 370, Article 130977. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2021.130977>
- Wiener, A., Shudler, M., Levit, A., Niv, M. Y. (2012). BitterDB: A database of bitter compounds. *Nucleic Acids Research*, 40(D1), D413–D419. <https://doi.org/10.1093/nar/gkr755>
- Minkiewicz, P., Iwaniak, A., Darewicz, M. (2019). BIOPEP-UWM database of bioactive peptides: Current opportunities. *International Journal of Molecular Sciences*, 20(23), Article 5978. <https://doi.org/10.3390/ijms20235978>
- Sharma, N., Patiyal, S., Dhall, A., Pande, A., Arora, C., Raghava, G. P. S. (2021). AllgPred 2.0: An improved method for predicting allergenic proteins and mapping of IgE epitopes. *Briefings in Bioinformatics*, 22(4), Article bbaa294. <https://doi.org/10.1093/bib/bbaa294>
- Lata, S., Mishra, N. K., Raghava, G. P. S. (2010). AntiBP2: Improved version of antibacterial peptide prediction. *BMC Bioinformatics*, 11(Suppl 1), Article S19. <https://doi.org/10.1186/1471-2105-11-S1-S19>
- Rauf, A., Kiran, A., Hassan, M. T., Mahmood, S., Mustafa, G., Jeon, M. (2021). Boosted prediction of antihypertensive peptides using deep learning. *Applied Sciences*, 11(5), Article 2316. <https://doi.org/10.3390/app11052316>
- Manavalan, B., Basith, S., Shin, T. H., Wei, L., Lee, G. (2019). AtbPred: A robust sequence-based prediction of anti-tubercular peptides using extremely randomized trees. *Computational and Structural Biotechnology Journal*, 17, 972–981. <https://doi.org/10.1016/j.csbj.2019.06.024>
- Agrawal, P., Bhagat, B., Mahalwal, M., Sharma, N., Raghava, G. P. S. (2021). AntiCP 2.0: An updated model for predicting anticancer peptides. *Briefings in Bioinformatics*, 22(3), Article bbaa153. <https://doi.org/10.1093/bib/bbaa153>
- Moretta, A., Scieuzo, C., Petrone, A. M., Salvia, R., Manniello, M.D., Falabella, P. (2022). Tools in the era of multidrug resistance in bacteria: Applications for new antimicrobial peptides discovery. *Current Pharmaceutical Design*, 28(35), 2856–2866. <https://doi.org/10.2174/1381612828666220817163339>
- Axentii, M., Codină, G. G. (2024). Exploring the nutritional potential and functionality of hemp and rapeseed proteins: A review on unveiling anti-nutritional factors, bioactive compounds, and functional attributes. *Plants*, 13(9), Article 1195. <https://doi.org/10.3390/plants13091195>
- Kumar, N., Hong, S., Zhu, Y., Garay, A., Yang, J., Henderson, D. et al. (2025). Comprehensive review of chickpea (*Cicer arietinum*): Nutritional significance, health benefits, techno-functionalities, and food applications. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety*, 24(2), Article e70152. <https://doi.org/10.1111/1541-4337.70152>
- Grasso, N., Lynch, K. M., Arendt, E. K., O'Mahony, J. A. (2022). Chickpea protein ingredients: A review of composition, functionality, and applications. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety*, 21(1), 435–452. <https://doi.org/10.1111/1541-4337.12878>
- Di Francesco, A., De Santis, M. A., Lanzoni, A., Pittalà, M. G. G., Saletti, R., Flagella, Z. et al. (2024). Mass spectrometry characterization of the SDS-PAGE protein profile of legumins and vicilins from chickpea seed. *Foods*, 13(6), Article 887. <https://doi.org/10.3390/foods13060887>
- Shen, P., Yang, J., Nikiforidis, C. V., Mocking-Bode, H. C. M., Sagis, L. M. C. (2023). Rapiferin versus napin — Air-water interface and foam stabilizing properties of rapeseed storage proteins. *Food Hydrocolloids*, 136, Article 108300. <https://doi.org/10.1016/j.foodhyd.2022.108300>

25. Sun, X., Sun, Y., Li, Y., Wu, Q., Wang, L. (2021). Identification and characterization of the seed storage proteins and related genes of *Cannabis sativa* L. *Frontiers in Nutrition*, 8, Article 678421. <https://doi.org/10.3389/fnut.2021.678421>
26. Al Musaimi, O., Lombardi, L., Williams, D. R., Albericio, F. (2022). Strategies for improving peptide stability and delivery. *Pharmaceuticals*, 15(10), Article 1283. <https://doi.org/10.3390/ph15101283>
27. Wang, L., Wang, N., Zhang, W., Cheng, X., Yan, Z., Shao, G. et al. (2022). Therapeutic peptides: Current applications and future directions. *Signal Transduction and Targeted Therapy*, 7(1), Article 48. <https://doi.org/10.1038/s41392-022-00904-4>
28. Boschin, G., Scigliuolo, G. M., Resta, D., Arnoldi, A. (2014). ACE-inhibitory activity of enzymatic protein hydrolysates from lupin and other legumes. *Food Chemistry*, 145, 34–40. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2013.07.076>
29. Wang, S., Mouming Zhao, M., Hongbing Fan, H., Wu, J. (2022). Emerging proteins as precursors of bioactive peptides/hydrolysates with health benefits. *Current Opinion in Food Science*, 48, Article 100914. <https://doi.org/10.1016/j.cofs.2022.100914>
30. Hernandez, L. M. R., de Mejia, E. G. (2019). Enzymatic production, bioactivity, and bitterness of chickpea (*Cicer arietinum*) peptides. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety*, 18(6), 1913–1946. <https://doi.org/10.1111/1541-4337.12504>
31. Rivero-Pino, F., Millan-Linares, M. C., Montserrat-De-La-Paz, S. (2023). Strengths and limitations of *in silico* tools to assess physicochemical properties, bioactivity, and bioavailability of food-derived peptides. *Trends in Food Science and Technology*, 138, 433–440. <https://doi.org/10.1016/j.tifs.2023.06.023>

СВЕДЕНИЯ ОБ АВТОРАХ	AUTHOR INFORMATION
Принадлежность к организации	Affiliation
Гаравири Махмуд — аспирант, кафедра «Биотехнология и биоорганический синтез», Российский биотехнологический университет (РОСБИОТЕХ) 125080, Москва, Волоколамское шоссе, 11 E-mail: gharaviri@hotmail.com ORCID: https://orcid.org/0000-0002-4318-7077	Mahmood Gharaviri , Postgraduate, Department «Biotechnology and Bioorganic Synthesis», Russian Biotechnological University (ROSBIOTECH) 11, Volokolamsk highway, 125080, Moscow, Russia E-mail: gharaviri@hotmail.com ORCID: https://orcid.org/0000-0002-4318-7077
Дегтярев Иван Александрович — аспирант, кафедра «Биотехнология и биоорганический синтез», Российский биотехнологический университет (РОСБИОТЕХ) 125080, Москва, Волоколамское шоссе, 11 E-mail: Ivand152@yandex.ru ORCID: https://orcid.org/0000-0002-3842-1391 * автор для контактов	Ivan A. Degtyarev , Postgraduate, Department «Biotechnology and Bioorganic Synthesis», Russian Biotechnological University (ROSBIOTECH) 11, Volokolamsk highway, 125080, Moscow, Russia E-mail: Ivand152@yandex.ru ORCID: https://orcid.org/0000-0002-3842-1391 * corresponding author
Алексаночкин Денис Игоревич — аспирант, кафедра «Биотехнология и биоорганический синтез», Российский биотехнологический университет (РОСБИОТЕХ) 125080, Москва, Волоколамское шоссе, 11 E-mail: aleksanochkindi@list.ru ORCID: https://orcid.org/0009-0000-7677-6583	Denis I. Aleksanochkin , Postgraduate, Department «Biotechnology and Bioorganic Synthesis», Russian Biotechnological University (ROSBIOTECH) 11, Volokolamsk highway, 125080, Moscow, Russia E-mail: aleksanochkindi@list.ru ORCID: https://orcid.org/0009-0000-7677-6583
Фоменко Иван Андреевич — кандидат технических наук, доцент, кафедра «Биотехнология и биоорганический синтез», Российский биотехнологический университет (РОСБИОТЕХ) 125080, Москва, Волоколамское шоссе, 11 E-mail: iv.fomenko@mail.ru ORCID: https://orcid.org/0000-0003-2478-1705	Ivan A. Fomenko , Candidate of Technical Sciences, Docent, Department «Biotechnology and Bioorganic Synthesis», Russian Biotechnological University (ROSBIOTECH) 11, Volokolamsk highway, 125080, Moscow, Russia E-mail: iv.fomenko@mail.ru ORCID: https://orcid.org/0000-0003-2478-1705
Машенцева Наталья Геннадьевна — доктор технических наук, профессор РАН, профессор, кафедра «Биотехнология и биоорганический синтез», Российский биотехнологический университет (РОСБИОТЕХ) 125080, Москва, Волоколамское шоссе, 11 E-mail: natali-mng@yandex.ru ORCID: https://orcid.org/0000-0002-9287-0585	Natalya G. Mashentseva , Doctor of Technical Sciences, Professor of the Russian Academy of Sciences, Professor, Department «Biotechnology and Bioorganic Synthesis», Russian Biotechnological University (ROSBIOTECH) 11, Volokolamsk highway, 125080, Moscow, Russia E-mail: natali-mng@yandex.ru ORCID: https://orcid.org/0000-0002-9287-0585
Критерии авторства	Contribution
Авторы в равных долях имеют отношение к написанию рукописи и одинаково несут ответственность за плагиат.	The authors are equally involved in writing the manuscript and are equally responsible for plagiarism.
Конфликт интересов	Conflict of interest
Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.	The authors declare no conflict of interest.