Научные труды Дальрыбвтуза. 2024. Т. 69, № 3. С. 8–17.
Scientific Journal of the Far Eastern State Technical Fisheries University. 2024. Vol. 69, no 3. P. 8–17.

ПИЩЕВЫЕ СИСТЕМЫ

Научная статья
УДК 543.645.6
DOI: doi.org/10.48612/dalrybvtuz/2024-69-01
EDN: ATJWKY

Новый сшитый противомикробный пищевой пептид: физико-химические свойства и прогнозируемая биологическая активность

Шолпан Сергеевна Валиева[1], Елизавета Андреевна Улитина[2], Сергей Леонидович Тихонов[3], Наталья Валерьевна Тихонова[4], Мария Сергеевна Тимофеева [5]
[1, 2] Южно-Уральский государственный аграрный университет, Троицк, Россия
[3, 4] Уральский государственный аграрный университет, Екатеринбург, Россия
[3] Уральский государственный лесотехнический университет, Екатеринбург, Россия
[5] Уральский государственный медицинский университет, Екатеринбург, Россия
[1] sholpan.v85@gmail.com, ORCID:0009-0006-8660-3456
[2] egorulitin@inbox.ru, ORCID: 0009-0006-8660-4527
[3] tihonov75@bk.ru, ORCID: 0000-0003-4863-9834
[4] ORCID: 0000-0001-5841-1791
[5] ORCID: 0000-0001-7760-1427

Аннотация. На основании литературных данных и информации, представленной в базе данных антимикробных пептидов (АМП) APD, спроектирован сшитый катионный гидрофобный альфаспиральный АМП пептид с низкой молекулярной массой, состоящий из 22 аминокислотных остатков. Процентное содержание каждой аминокислоты в пептиде следующее, %: Leu – 14, Cys, Ala, Trp, Pro, Asp и His по 9, Gly и Glu по 5, Lys – 18 и Arg – 14. Общее гидрофобное соотношение, определенное APD на уровне 41 %, общий чистый заряд равен + 6,5, гидрофобность пептида по Уимли-Уайту в целом остатке на уровне 4,14, молекулярная масса равна 2714,297 Да, молекулярная формула C123H199N41O25S2. Потенциал связывания с белками (индекс Бомана) составляет 2,57 ккал / моль. Последовательность пептида содержит четное количество Cys и может образовывать связанную дульсульфидными связями дефензиноподобную бета-структуру (~ 16-60 остатков АА); спиральные структуры, содержащие S-S связь (и) или множественные тиоэфирные связи, как в лантибиотиках. Теоретически созданный сшитый пептид является новым АМП, так как не идентифицируется в известных базах АМП, и характеризуется антимикробной активностью, что подтверждается исследованиями, проведенными в базе АМП DRAMP.

***Ключевые слова*:** антимикробные пептиды, биологическая активность, заряд, гидрофобность, последовательность аминокислот

Для цитирования: Валиева Ш. С., Улитина Е. А., Тихонов С. Л., Тихонова Н. В., Тимофеева М. С. Новый сшитый противомикробный пищевой пептид: физико-химические свойства и прогнозируемая биологическая активность // Научные труды Дальрыбвтуза. 2024. Т. 69, № 3. С. 8–17.

© Валиева Ш. С., Улитина Е. А., Тихонов С. Л., Тихонова Н. В., Тимофеева М. С., 2024

FOOD SYSTEMS

Original article

A new cross-linked antimicrobial food peptide: physico-chemical properties and predicted biological activity

Sholpan S. Valieva[1], Elizaveta A. Ulitina[2], Sergey L. Tikhonov[3], Natalia V. Tikhonova[4], Maria S. Timofeeva[5]
[1, 2] South Ural State Agrarian University, Troitsk, Russia
[3] Ural State Agrarian University, Ekaterinburg, Russia
[3, 4] Ural State Forestry Engineering University, Ekaterinburg, Russia
[5] Ural State Medical University, Ekaterinburg, Russia
[1] sholpan.v85@gmail.com, ORCID: 0009-0006-8660-3456
[2] egorulitin@inbox.ru, ORCID: 0009-0006-8660-4527
[3] tihonov75@bk.ru, ORCID: 0000-0003-4863-9834
[4] ORCID: 0000-0001-5841-1791
[5] ORCID: 0000-0001-7760-1427

Abstract. Based on the literature data and information provided in the antimicrobial peptides (AMP) database APD, we have designed a cross-linked cationic hydrophobic alphaspiral AMP peptide with a low molecular weight consisting of 22 amino acid residues. The percentage of each amino acid residue in the peptide is as follows, %: Leu – 14, Cys – Ala, Trp, Pro, Asp and His by 9, Gly and Glu by 5, Lys – 18 and Arg – 14. The total hydrophobic ratio determined by APD is 41%, the total net charge is + 6.5, the hydrophobicity of the peptide according to Wimley-White in the whole residue is 4.14, the molecular weight is 2714.297 Yes, the molecular formula is C123H199N41O25S2. The protein binding potential (Boman index) is 2.57 kcal/mol. The peptide sequence contains an even number of Cys and can form a defensin-like beta structure bound by dulsulfide bonds (~16-60 AA residues); spiral structures containing S-S bond(s) or multiple thioester bonds, as in lantibiotics. Theoretically, the crosslinked peptide created is a new AMP because it is not identified in known AMP databases and is characterized by antimicrobial activity, which is confirmed by studies conducted in the AMP DRAMP database.

Keywords: antimicrobial peptides, biological activity, charge, hydrophobicity, amino acid sequence

For citation*:* Valieva Sh. S., Ulitina E. A., Tikhonov S. L., Tikhonova N. V., Timofeeva M. S. A new cross-linked antimicrobial food peptide: physico-chemical properties and predicted biological activity. *Scientific Journal of the Far Eastern State Technical Fisheries University.* 2024; 69(3): 8–17 (in Russ.).

Введение

Пищевые биологически активные пептиды (БАП) все чаще используются в обычных пищевых продуктах, продуктах спортивного питания, продуктах лечебного и профилактического назначения. [1].

БАП могут быть классифицированы как антимикробные, противовирусные, антиоксидантные пептиды, гипотензивные пептиды, противовоспалительные пептиды, противораковые пептиды и т.д. БАП не проявляют биологической активности, когда присутствуют в форме нативных белков, и только после того, как исходный белок подвергается ферментативному расщеплению специфическими ферментами или химическому гидролизу, БАП становятся биоактивными [2]. На сегодняшний день наибольшее количество БАП

получено из молочных белков, за ними следуют мясо, рыба, яйца и злаки. Интерес к БАП из других источников растет [3]. Идентифицированы многочисленные функциональные БАП и химические структуры, что согласуется с заявленной терапевтической эффективностью традиционных натуральных продуктов – источников БАП [4]. В дополнение к вышеупомянутым четырем функциональным пептидам существуют другие функциональные БАП, которые не представлены, такие как гипогликемические [5], гиполипидемические [6], антибактериальные [7], снимающие усталость [8], иммуномодулирующие [9] и т.д. БАП из одного и того же источника могут выполнять множество функций, например, исследовательская группа профессора Ли Енга из Пекинского университета оценила БАП цзилиньского женьшеня по нескольким активностям и обнаружила, что он обладает шестью эффектами одновременно: замедляет алкогольное повреждение печени, обладает антиоксидантным, гиполипидемическим, гипогликемизирующим действием, снимает усталость и оказывает противовоспалительное действие [10]. Возможно, это связано с функциональным разнообразием различных пептидов в смеси пептидов из одного источника из-за различий в аминокислотной последовательности, а также структурных различий, во-вторых, это может быть гидролиз исходного белка разными способами из-за различных процессов получения, и, наконец, может быть так, что структурные особенности одного пептида одновременно соответствуют структурным требованиям нескольких БАП, в результате чего получается один пептид с множеством функций [11].

Одним из приоритетных направлений в области пептидомики является создание и изучение новых пептидов с антимикробными свойствами. Такие пептиды можно использовать в качестве консервантов пищевой продукции, профилактики бактериальных инфекций путем включения в состав пищевой продукции или создания новых противомикробных препаратов на пептидной основе, так как активно развиваются антибиотикорезистентные штаммы бактерий, что приводит к снижению эффективности терапии бактериальных инфекций. Бактерии, чтобы минимизировать токсические эффекты антибиотиков, могут выкачивать лекарство из клеток, снижать сродство лекарства к определенным мишеням за счет мутаций и разлагать антибиотики ферментами. Среди различных микробов с множественной лекарственной устойчивостью (МЛУ) патогены ESKAPE (*Enterococcus faecium, золотистый стафилококк, Klebsiella pneumoniae, Acinetobacter baumannii, Синегнойная палочка* и виды *Enterobacter*) являются причиной 90 % инфекций [12]. Появляются и другие устойчивые патогены, включая вирус иммунодефицита человека 1-го типа (ВИЧ-1), SARS-CoV2, вирусы Эбола, Зика, устойчивые бактерии *Mycobacterium tuberculosis, сальмонеллу, Candida, Neisseria gonorrhoeae* и *Clostridioides difficile*. Если не предпринимать никаких действий, прогнозируемое ежегодное число смертей от бактериальных и вирусных инфекций может достичь десяти миллионов к 2050 г. Для решения этой задачи одной из фундаментальных стратегий является разработка нового поколения продуктов и антимикробных препаратов с их участием, способных уничтожать эти патогены МЛУ, в частности, пептидов с антимикробными свойствами. Поэтому антимикробные пептиды (АМП) рассматриваются как альтернатива обычным непептидным антибиотикам. Согласно базе данных антимикробных пептидов (APD) обнаружено более 3000 природных АМП из шести царств жизни (бактерии, археи, протисты, грибы, растения и животные) [13].

В связи с вышеизложенным целью исследований является проектирование нового антимикробного пептида с теоретическим обоснованием его механизма действия.

Объекты и методы исследований

Для создания АМП использованы базы данных антимикробных пептидов APD, DRAMP и результаты исследований ведущих ученых в области пептидомики.

Результаты и их обсуждение

Большинство природных АМП (88 %) являются катионными, и только небольшая часть (6 %) является анионными. К анионным пептидам относится даптомицин, который используется в клинических целях [14]. У 6 % АМП чистый заряд равен нулю. В APD большинство АМП гидрофобные (от 10 до 70 % уровень гидрофобности). Только около 1 % таких пептидов имеют очень высокий (> 70 %) или очень низкий (<10 %) уровень гидрофобности. Что касается длины, то 2879 пептидов в базе APD (88 %) короче 50 аминокислот. Средняя длина всех АМП в APD составляет 33 аминокислотных остатка при среднем чистом заряде + 3,3. Наиболее часто встречающимися аминокислотами (>8 %) являются глицин (G), лизин (K) и лейцин (L).

Вариации аминокислотных остатков природных АМП в различных структурах и активностях приведены в работе [15]. АМП обычно имеют низкую молекулярную массу, длину от 12 до 50 аминокислот, чистый положительный заряд, около 50 % гидрофобных остатков, которые отвечают за их антибиотическую активность [15].

Проведен анализ количества и повторяемости аминокислотных остатков в АМП согласно базе данных APD (табл. 1), позволяющий создать новый АМП на основании полученных данных.

Таблица 1

Анализ количества и повторяемости аминокислотных остатков в АМП согласно базе данных APD

Table 1

Analysis of the quantity and repeatability of amino acid residues in AMP according to the AD database

Наименование аминокислоты	Молекулярная масса аминокислоты	Количество АМП, содержащих аминокислотный остаток	Количество, %	Частота встречаемости в АМП, %
V	99.13	2492	0.76	5.69
L	113.16	2835	**0.87**	**8.26**
F	147.18	2240	0.69	4.09
C	103.14	1721	0.53	6.81
M	131.2	959	0.29	1.27
A	71.08	2511	0.77	7.68
W	186.21	1185	0.36	1.65
G	57.05	2950	**0.91**	**11.51**
P	97.12	1958	0.60	4.67
T	101.11	2053	0.63	4.48
S	87.08	2483	0.76	6.07

Наименование аминокислоты	Молекулярная масса аминокислоты	Количество АМП, содержащих аминокислотный остаток	Количество, %	Частота встречаемости в АМП, %
Y	163.18	1266	0.39	2.49
Q	128.13	1352	0.42	2.59
N	114.1	1968	0.60	3.86
E	129.12	1465	0.45	2.68
D	115.09	1463	0.45	2.7
H	137.14	1231	0.38	2.17
K	128.17	2782	**0.85**	**9.51**
R	156.19	1843	0.57	5.88

Наиболее часто встречающиеся аминокислоты в АМП: лизин, глицин и лейцин. На основании приведенных характеристик АМП нами спроектирован катионный гидрофобный АМП, содержащий аминокислоты глицин (G), лизин (K) и лейцин (L).

Большинство АМП являются α-спиральными и содержат аланин (A), лейцин (L) и лизин (K) (рис. 1) [16].

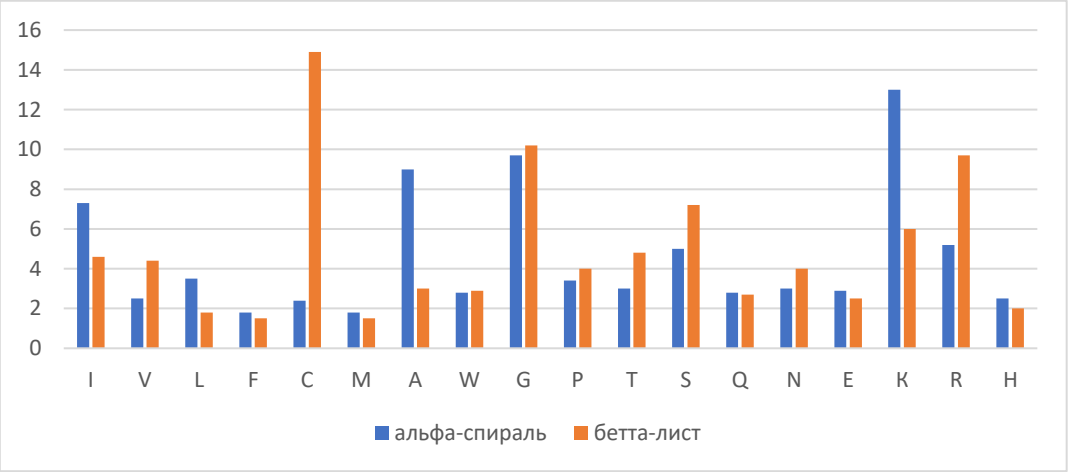

Рис. 1. Процентное содержание аминокислотных остатков в известных АМП в зависимости от структуры (α-спираль, β-лист), %. Составлено авторами
Fig. 1. Percentage of amino acid residues in known AMP depending on the structure (α-helix, β-leaf), %. Compiled by the authors

На основании вышеперечисленных характеристик АМП нами спроектирован АМП пептид со следующей аминокислотной последовательностью и содержанием аминокислот EKKLLAARGLKRRKCCWWPPHH.

Поиск по базе APD показал, что этого пептида нет в базе данных (рис. 2).

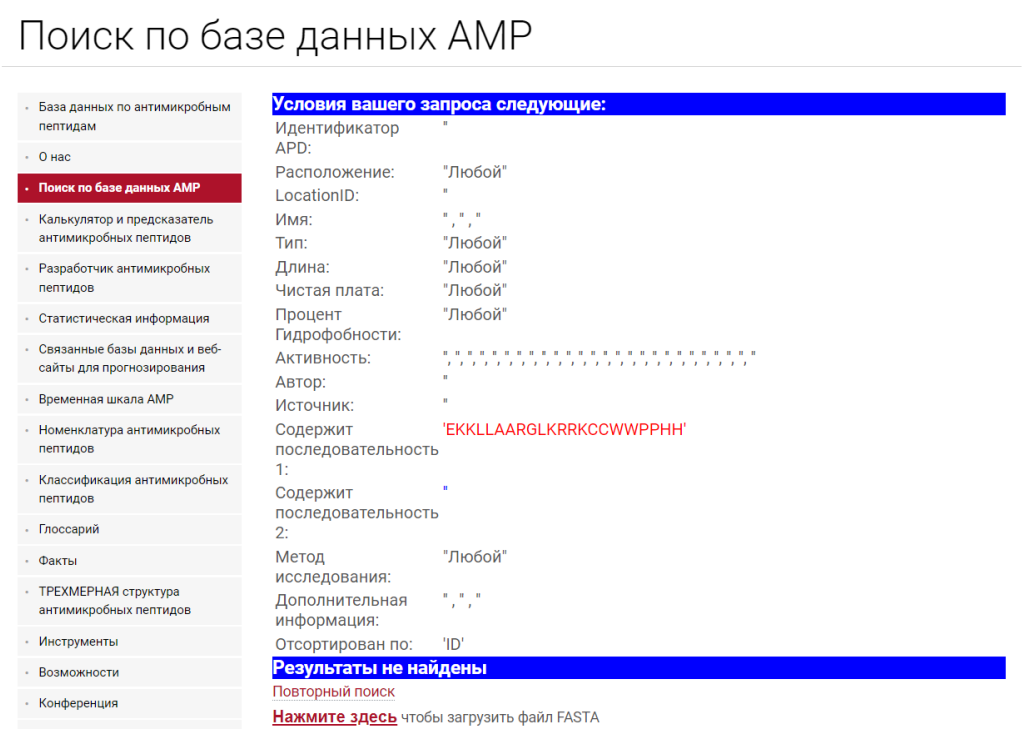

Рис. 2. Результаты поиска пептида EKKLLAARGLKRRKCCWWPPHH по базе APD. Составлено авторами

Fig. 2. Results of the EKKLLAARGLKRRKCCWWPPH peptide search in the APD database. Compiled by the authors

Согласно базе данных DRAMP спроетированный пептид относится к АМП (рис. 3).

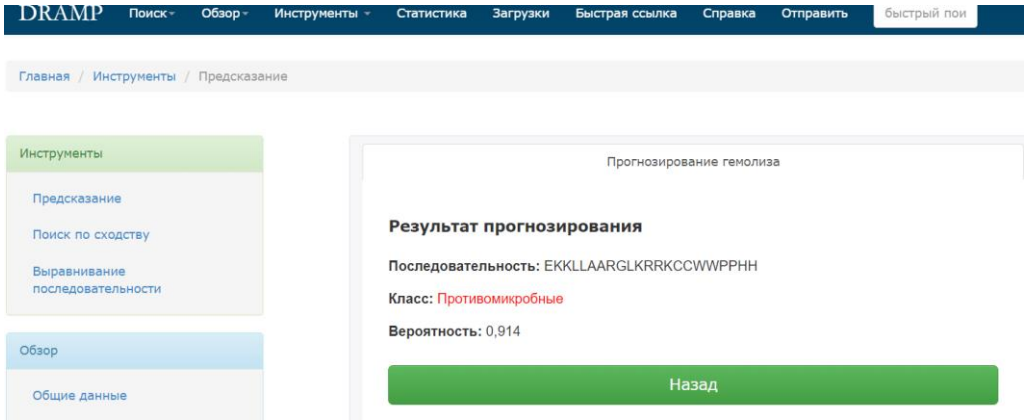

Рис. 3. Прогнозирование биологической активности пептида EKKLLAARGLKRRKCCWWPPHH по базе DRAMP. Составлено авторами

Fig. 3. Prediction of the biological activity of the EKKLLAARGLKRRKCCWWPPH peptide based on the DRAMP database. Compiled by the authors

Полученный пептид состоит из 22 аминокислотных остатков. Характеристика аминокислотных остатков в пептиде приведена в табл. 2.

Таблица 2

Характеристика аминокислотных остатков в пептиде EKKLLAARGLKRRKCCWWPPHH

Table 2

Characterization of amino acid residues in the EKKLLAARGLKRRKCCWWPPH peptide

Наименование показателя	Характеристика
Гидрофобная аминокислота	I: 0 V: 0 L: 3 F: 0 C: 2 M: 0 A: 2 W: 2
Количество G и P	G: 1 P: 2
Отрицательно заряженная аминокислота	E: 1 D: 0
Положительно заряженная аминокислота	K: 4 R: 3 H: 2
Другие аминокислоты	T: 0 S: 0 Y: 0 Q: 0 N: 0

Процентное содержание каждого аминокислотного остатка в пептиде следующее, %: Leu – 14, Cys, Ala, Trp, Pro, Asp и His по 9, Gly и Glu по 5, Lys – 18 и Arg – 14. Общее гидрофобное соотношение, определенное APD, на уровне 41 %, общий чистый заряд равен + 6,5, гидрофобность пептида по Уимли-Уайту в целом остатке на уровне 4,14, молекулярная масса равна 2714,297 Да, молекулярная формула C123H199N41O25S2. Потенциал связывания с белками (индекс Бомана) составляет 2,57 ккал /моль. Последовательность пептида содержит четное количество Cys, она может образовывать (1) связанную дульсульфидными связями дефензиноподобную бета-структуру (~ 16-60 остатков AA).; (2) спиральные структуры, содержащие S-S связь (и); или (3) множественные тиоэфирные связи, как в лантибиотиках, если содержание Thr / Ser высокое. Примерами хелциальных АМП являются АМП амфибий с рамкой rana (11–48 AA, одна S-S связь) или сапозиноподобной структурой спирального пучка (~ 80 остатков AA, 3 S-S связи). Характеристики пептида теоретически свидетельствует о его антимикробных свойствах. Так, внутримолекулярные дисульфидные мостики являются распространенными посттрансляционными модификациями, обнаруживаемыми в природных антибактериальных пептидах, и исследователи предполагают, что они являются важными структурными особенностями для их биологической активности. Например, дисульфидный мостик необходим для противомикробной активности пептидов [17]. Так, АМП Пасиреотид представляет собой дисульфидные циклические октапептиды, два синтетических производных соматостатина, используемых для лечения эндокринных опухолей [18]. Кроме того, важную роль дисульфидной связи в конъюгации АМП с аминогликозидами. Например, конъюгация дисульфидной связи антимикробного пептида CAPH P14LRR с канамицином (P14KanS). Такой пептид демонстрировал высокую антимикробную активность с высокими значениями MIC в отношении патогенов, по сравнению с канамицином [19]. Лизин и аргинин, присутствующие в пептиде EKKLLAARGLKRRKCCWWPPHH, отвечают за катионность АМП [20]: они обеспечивают сильное электростатическое взаимодействие с анионными липидами мембран грамотрицательных бактерий и с клеточными стенками грамположительных бактерий [21]. Кластеры заряженных остатков придают бактерицидную способность благодаря их связыванию с гидрофобным ядром липидного бислоя, вызывая, таким образом, разделение [22]. Длина пептидной цепи и амфипатичность также влияют на склонность к проницаемости бактериальных мембран. Другими словами, богатые лизином пептиды могут деполяризовывать мембраны бактериальных клеток посредством электростатических взаимодействий, вызывая разрушение мембран и гибель бактерий [23]. Исследуемый пептид может проявлять

антимикробные свойства, так как имеет положительный заряд +6,5 и гидрофобность 41 %, что согласуется с данными [24], в которых установлено, что катионный заряд и гидрофобные остатки рассматриваются как две основные физические характеристики АМП. Наличие суммарного положительного заряда усиливает взаимодействие катионных АМП с отрицательно заряженными цитоплазматическими мембранами. Между тем другие бактериальные мишени с гидрофобными остатками способствуют взаимодействию с жирной ацильной цепью, которая обеспечивает внедрение АМП в мембрану. Проникновение биопленки происходит за счет трех движущих сил: суммарного положительного заряда, гидрофобной группы и селективной проницаемости мембраны (позволяющей пептидам проникать в клетку из раствора [25].

Заключение

На основании литературных данных и информации, представленной в базе данных АМП APD, нами спроектирован сшитый катионный гидрофобный АМП пептид с низкой молекулярной массой, состоящий из 22 аминокислотных остатков. Теоретически созданный пептид является новым, так как отсутствует в известных базах АМП, и характеризуется антимикробной активностью, что подтверждается исследованиями, проведенными в базе АМП DRAMP. Что, в свою очередь, предполагает возможность и целесообразность его использования в биологически ценных продуктах для безопасного и здорового питания.

Список источников

1. Yuan, H., Luo, Z., Ban, Z. et al. Bioactive peptides of plant origin: distribution, functionality, and evidence of benefits in food and health. Food Funct. 2022;13(6):3133–3158. doi: 10.1039/D1FO04077.

2. Daliri, E.B.-M.; Lee, B.H.; Oh, D.H. Current Trends and Perspectives of Bioactive Peptides. Crit. Rev. Food Sci. Nutr. 2018. 58. 2273–2284.

3. Rutherfurd-Markwick, K.J. Food Proteins as a Source of Bioactive Peptides with Diverse Functions. Br. J. Nutr. 2012. 108. S. 149–157.

4. Liu, M.; Wang, Y.; Liu, Y.; Ruan, R. Bioactive Peptides Derived from Traditional Chinese Medicine and Traditional Chinese Food: A Review. Food Res. Int. 2016. 89. 63–73.

5. Sun, B.; Li, D.; Mao, R.-X.; Li, H.; Wang, J.-B.; Li, Y. Anti-diabetic Effects of Panax ginseng Oligopeptides in Jilin Province on Diabetes Mice. Biotechnol. Bull. 2016. 22. 62–65.

6. Li, D.; Liu, R.; Li, H.; Chen, Q.-H.; Zhang, Z.-F.; Wang, J.-B. Hypolipidemic Effect of Oligopeptide Derived from Panax ginseng Grown in Jilin Province on Rats with Hyperlipidemia. Food Sci. 2017. 38. 227–232.

7. Mishra, J.; Rajput, R.; Singh, K.; Puri, S.; Goyal, M.; Bansal, A.; Misra, K. Antibacterial Natural Peptide Fractions from Indian Ganoderma Lucidum. Int. J. Pept. Res. Ther. 2018. 24. 543–554.

8. Guo, Z.; Lin, D.; Guo, J.; Zhang, Y.; Zheng, B. In Vitro Antioxidant Activity and In Vivo Anti-Fatigue Effect of Sea Horse (Hippocampus) Peptides. Molecules. 2017. 22 482.

9. Liang, R.; Fan, C.; Li, Y.; Zeng, Q.-H.; Liu, R.; Guo, X.-F. Immunomodulatory Effects of Low Molecular Weight Peptide of Colla Corii Asini. Sci. Technol. Food Ind. 2019. 40. 306–310.

10. Sun, B.; Li, D.; Mao, R.-X.; Li, H.; Wang, J.-B.; Li, Y. Anti-diabetic Effects of Panax ginseng Oligopeptides in Jilin Province on Diabetes Mice. Biotechnol. Bull. 2016, 22, 62–65 Li, D.; Liu, R.; Li, H.; Chen, Q.-H.; Zhang, Z.-F.; Wang, J.-B. Hypolipidemic Effect of Oligopeptide Derived from Panax ginseng Grown in Jilin Province on Rats with Hyperlipidemia. Food Sci. 2017. 38. 227–232.

11. Xu, M.; Chen, Q.; Fan, R.; Wang, J.; Li, Y. Anti-Inflammation Effect of Small Molecule Oligopeptides Prepared from Panax ginseng C. A. Meyer in Rats. Molecules 2019. 24. 858.

12. Boucher HW, Talbot GH, Bradley JS, Edwards JE, Gilbert D, Rice LB, Scheld M, Spellberg B, Bartlett J (2009) Bad bugs, no drugs: no ESKAPE! An update from the Infectious Diseases Society of America. Clin Infect Dis 48:1–12

13. Wang G, Li X, Wang Z.APD3: the antimicrobial peptide database as a tool for research and education. Nucleic Acids Res. 2016, 4 января;44 (D1): D1087-93. doi: 10.1093/nar/gkv1278.

14. Kreutzberger MA, Pokorny A, Almeida PF. Daptomycin-Phosphatidylglycerol Domains in Lipid Membranes. Langmuir. 2017 Nov 28;33(47):13669-13679. doi: 10.1021/acs.langmuir.7b01841.

15. Wang G. The antimicrobial peptide database provides a platform for decoding the design principles of naturally occurring antimicrobial peptides. Protein Sci. 2020 Jan;29(1):8-18. doi: 10.1002/pro.3702.

16. Wang G. The antimicrobial peptide database provides a platform for decoding the design principles of naturally occurring antimicrobial peptides. Protein Sci. 2020 Jan;29(1):8-18. doi: 10.1002/pro.3702.

17. Takahashi D. et al.. Structural determinants of host defense peptides for antimicrobial activity and target cell selectivity. Biochimie 2010; 92 (9); 1236–1241. https://doi.org/10.1016/j.biochi.2010.02.023

18. Liu, Y., Du, Q., Ma, C., Xi, X., Wang, L., Zhou, M. et al. (2019) Structure–activity relationship of an antimicrobial peptide, Phylloseptin-PHa: balance of hydrophobicity and charge determines the selectivity of bioactivitie. Drug Design, Development and Therapy, 13, 447–458

19. Zorzi, A., Deyle, K. & Heinis, C. (2017) Cyclic peptide therapeutics: past, present and future. Current Opinion in Chemical Biology. 38. 24–29

20. Mohamed, Y.F., Abou-Shleib, H.M., Khalil, A.M., El-Guink, N.M. & El-Nakeeb, M.A. (2016) Membrane permeabilization of colistin toward pan-drug resistant gram-negative isolates. Brazilian Journal of Microbiology. 47. 381–388.

21. Epand, R.F., Lehrer, R.I., Waring, A., Wang, W., Maget-Dana, R., Lelievre, D. et al. (2003) Direct comparison of membrane interactions of model peptides composed of only Leu and Lys residues. Biopolymers. 71. 2–16.

22. Zheng, M., Pan, M., Zhang, W., Lin, H., Wu, S., Lu, C. et al. (2021) Poly(α-L-lysine)-based nanomaterials for versatile biomedical applications: current advances and perspectives. Bioactive Materials. 6. 1878–1909.

23. Gopal, R., Seo, C.H., Song, P.I. & Park, Y. (2013) Effect of repetitive lysine–tryptophan motifs on the bactericidal activity of antimicrobial peptides. Amino Acids. 44. 645–660.

24. Xi, Y., Song, T., Tang, S., Wang, N. & Du, J. (2016) Preparation and antibacterial mechanism insight of polypeptide-based micelles with excellent antibacterial activities. Biomacromolecules. 17. 3922–3930.

25. Nguyen L. et al.The expanding scope of antimicrobial peptide structures and their modes of action. Trends Biotechnol. 2011; 29 (9): 464–472. https://doi.org/10.1016/ j.tibtech.2011.05.001.

26. Jenssen H. et al. Peptide antimicrobial agents. Clin. Microbiol. Rev. 2016; 19 (3):491–511. https://doi.org/10.1128/CMR.00056-05.

Информация об авторах

Ш. С. Валиева – аспирант.
Е. А. Улитина – аспирант.
С. А. Тихонов – доктор технических наук, профессор, директор НОЦ «Прикладные нано-биотехнологии».
Н. В. Тихонова – доктор технических наук, профессор, зав. кафедрой пищевой инженерии аграрного производства.
М. С. Тимофеева – студентка 6-го курса.

Information about the authors

Sh. S. Valieva – Postgraduate student.
E. A. Ulitina – Postgraduate student.
S. A. Tikhonov – Doctor of Technical Sciences, Professor, Director of the Research Center «Applied Nanobiotechnology».
N. V. Tikhonova – Doctor of Technical Sciences, Professor, Head of the Department of Food Engineering of Agricultural Production.
M. S. Timofeeva – Student.

Статья поступила в редакцию 10.09.2024; одобрена после рецензирования 17.09.2024; принята к публикации 30.09.2024.
The article was submitted 10.09.2024; approved after reviewing 17.09.2024; accepted for publication 30.09.2024.