

Научная статья

УДК 547:664

EDN ZHGNVQ

<https://doi.org/10.22450/1999-6837-2026-20-1-97-104>

Характеристика и биологические функции белков с использованием биоинформационного подхода

Сергей Леонидович Тихонов¹, Соня Александровна Ковальногова²,
Наталья Валерьевна Тихонова³, Мария Сергеевна Тимофеева⁴

¹ Российский биотехнологический университет, Москва, Россия

^{1,2} Уральский государственный лесотехнический университет

Свердловская область, Екатеринбург, Россия

^{1,3,4} Уральский государственный аграрный университет

Свердловская область, Екатеринбург, Россия

¹ tihonov75@bk.ru, ² lkovalnogova2006@gmail.com, ⁴ maria_tih13.02@icloud.com

Аннотация. Биологическая ценность и функционально-технологические свойства белков рапса, нута и конопли приобретают стратегическое значение, что обусловлено перспективами использования такого белкового сырья для производства продуктов питания. В этой связи целью исследований явилось изучение характеристик и свойств белковых последовательностей нута, рапса и конопли с помощью базы данных UniProt. В качестве объектов исследований были использованы растительные белки рапса, нута и конопли: напин1.7S; напин-Б1.7S; 26S протеасома, не-АТФазная регуляторная субъединица 1; неспецифический белок-переносчик липидов; бифункциональный ингибитор/белок переноса липидов растений; белок, содержащий спиральный домен хранения семян. После осуществления поиска белковых последовательностей с помощью базы данных UnitProt ID определили аминокислотные последовательности, биологические функции, молекулярную массу, количество изоформ исследуемых белков. На основе биоинформатического поиска в соответствующей базе для семян рапса выявлено 549 белков, из которых детально проанализированы два ключевых запасных протеина (Напин 1.7S и Напин-Б1.7S). В семенах нута результатами поиска стали 102 белка, из которых рассмотрены два (регуляторная субъединица 26S протеасомы и неспецифический белок-переносчик липидов). В конопле найдено 194 белка, из них для исследований были выбраны два близких по последовательности запасных протеина, относящихся к бифункциональным ингибиторам/переносчикам липидов.

Ключевые слова: белки семян, рапс, нут, конопля, аминокислотная последовательность белков, биологическая активность, технологические свойства, биоинформатика

Финансирование: исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда (проект № 25-16-00178 от 29 мая 2025 г.).

Для цитирования: Тихонов С. Л., Ковальногова С. А., Тихонова Н. В., Тимофеева М. С. Характеристика и биологические функции белков с использованием биоинформационного подхода // Дальневосточный аграрный вестник. 2026. Том 20. № 1. С. 97–104. <https://doi.org/10.22450/1999-6837-2026-20-1-97-104>.

Original article

A bioinformatics approach to characterize biological functions of protein

Sergey L. Tikhonov¹, Sonya A. Kovalnogova²,
Natalya V. Tikhonova³, Maria S. Timofeeva⁴

¹ Russian Biotechnological University, Moscow, Russian Federation

^{1,2} Ural State Forestry University, Sverdlovsk region, Ekaterinburg, Russian Federation

^{1,3,4} Ural State Agrarian University, Sverdlovsk region, Ekaterinburg, Russian Federation

¹ tihonov75@bk.ru, ² lkovalnogova2006@gmail.com, ⁴ maria_tih13.02@icloud.com

Abstract. The biological value, functional and technological properties of rapeseed, chickpea, and hemp proteins are of strategic importance as promising plant-based protein raw materials for food production. Therefore, the aim of this research is to study the characteristics and properties of the protein sequences of chickpea, rapeseed, and hemp using the UniProt database. The research objects were the plant proteins of rapeseed, chickpea, and hemp: napin 1.7S; napin-B1.7S; 26S proteasome, non-ATPase regulatory subunit 1; non-specific lipid transfer protein; bifunctional inhibitor/plant lipid transfer protein; protein containing a helical seed storage domain. After searching for protein sequences using the UniProt ID database, we determined the amino acid sequences, biological functions, molecular weight, and number of isoforms of the proteins under study. A bioinformatics search for rapeseed identified 549 proteins, of which two key storage proteins (Napin 1.7S and Napin-B1.7S) were analyzed in detail. Chickpea seeds were found to contain 102 proteins, two of which were examined in the study (26S proteasome regulatory subunit and a non-specific lipid transfer protein). Hemp was found to contain 194 proteins, of which two storage proteins with similar sequences, classified as bifunctional inhibitors/lipid transfers, were selected for study.

Keywords: seed proteins, rapeseed, chickpeas, hemp, amino acid sequence of proteins, biological activity, technological properties, bioinformatics

Funding: the research was carried out at the expense of a grant from the Russian Science Foundation (project No. 25-16-00178, dated May 29, 2025).

For citation: Tikhonov S. L., Kovalnogova S. A., Tikhonova N. V., Timofeeva M. S. A bioinformatics approach to characterize biological functions of protein. *Dal'nevostochnyi agrarnyi vestnik*. 2026;20;1:97–104 (in Russ.). <https://doi.org/10.22450/1999-6837-2026-20-1-97-104>.

Введение. Запасные белки семян (storage proteins) выполняют важную функцию в жизненном цикле растений, выступая резервным депо азота, углерода и серы. Макромолекулы белков аккумулируются при созревании семени и подвергаются интенсивному протеолизу во время прорастания, обеспечивая эмбрион строительным материалом до начала фотосинтеза. В условиях глобального дефицита ресурсов и перехода на экологически устойчивое питание изучение растительных белков таких культур, как рапс, нут и конопля, приобретает стратегическое значение, поскольку они выступают перспективным растительным сырьем для производства продуктов питания [1, 2].

Рапс (*Brassica napus*) является источником ценных белковых фракций напиров и круциферринов, пригодных для создания функциональных пищевых систем, благодаря высокому эмульгирующему свойствам и содержанию серосодержащих аминокислот [2]. Белки нута (*Cicer arietinum*) отличаются сбалансированным аминокислотным составом и высокой усвояемостью, считаясь как эталон среди зернобобовых.

Исследования показывают, что нутовая мука (содержание белка 20 %) значи-

тельно улучшает влагосвязывающую способность котлетной массы (увеличение на 10,8 %) при введении 5–15 %, повышает пищевую ценность полуфабрикатов за счет липидов и минералов, а также увеличивает переваримость белков на 5 %, что делает ее ценным сырьем для геродиетического питания [3, 4].

Особый интерес представляет конопля (*Cannabis sativa*). Белок конопли (эдестин) по структуре близок к альбуминам плазмы крови человека. Он содержит все незаменимые аминокислоты, что делает его перспективным функциональным ингредиентом для диетического и лечебного питания. Также данный белок характеризуется значительным гелеобразующим свойством [5].

Для более эффективного анализа растительных белковых систем используют методы биоинформатики и биоинформационные ресурсы. UniProt – глобальный консорциум, объединяющий данные о протеомах. Разделы Swiss-Prot и TrEMBL позволяют исследователям предсказывать структуру, физико-химические свойства и функциональные домены белков *in silico*, значительно сокращая затраты на лабораторные эксперименты. Интеграция дан-

ных UniProt с анализом запасных белков формирует новый стандарт в агробиотехнологических исследованиях.

Целью исследований явилось изучение характеристик и биологических свойств аминокислотных последовательностей белков нута, рапса и конопли с помощью базы данных UniProt.

Материал и методика исследований. UniProt – это биоинформатическая база данных белков, содержащая аннотированные и предсказанные последовательности белков из различных организмов. Она объединяет три основных раздела: Swiss-Prot (ручная экспертная курация с высокой достоверностью), TrEMBL (автоматическая аннотация транскриптомов) и UniRef (кластеризованные последовательности для ускоренного поиска).

В соответствующей базе можно найти информацию о последовательности аминокислот, 3D-структуре, функциональной активности, посттрансляционных модификациях, субклеточной локализации, взаимодействиях с лигандами и другими белками, а также предсказания физико-химических параметров (молекулярная масса, изоэлектрическая точка, гидрофобность GRAVY). Дополнительно UniProt интегрируется с базами Pfam, InterPro и GO, что позволяет проводить анализ доменной организации и биологических функций.

В качестве объекта исследований были использованы растительные белки рапса, нута и конопли: напин 1.7S; напин-Б1.7S; 26S протеасома, не-АТФазная регуляторная субъединица 1; неспецифический белок-переносчик липидов; бифункциональный ингибитор/белок переноса липидов растений; белок, содержащий спиральный домен хранения семян.

Для поиска белковых последовательностей в поисковую строку базы UniProt вводились ключевые слова «storage proteins» и добавлялось латинское название каждого растения: рапс – *Brassica napus*; нут – *Cicer arietinum*; конопля – *Cannabis sativa*.

С помощью UnitProt ID нами выполнено определение аминокислотных последовательностей, биологических функций, молекулярных масс, количества изоформ исследуемых белков.

Результаты исследований. В ходе исследований были идентифицированы и проанализированы ключевые представители запасных белков рапса (*Brassica napus*), нута (*Cicer arietinum*) и конопли (*Cannabis sativa*). Результаты представлены в таблице 1 [6].

На основе биоинформатического поиска в базе UniProt для семян рапса выявлено 549 белков, из которых детально проанализированы два ключевых запасных протеина (Напин 1.7S и Напин-Б1.7S). Эти белки относятся к типичным для масличных культур 2S/11S-протеинам с сигнальными пептидами и консервативными мотивами, обеспечивающими их плотную упаковку в семенах [7]. Напины выполняют не только резервную функцию, но и обладают широким спектром активности, включая связывание нуклеиновых кислот, транспорт веществ и антиоксидантные свойства [8].

В семенах нута найдено 102 белка, в работе рассмотрены два из них – регуляторная субъединица 26S протеасомы и неспецифический белок-переносчик липидов. Для нута характерны преимущественно глобулины и альбумины с «кислым» и полярным аминокислотным составом, что обеспечивает их высокую растворимость и благоприятные технологические свойства [9]. Эти белки участвуют в деградации полиубиквитинированных белков и транспорте липидов, а также проявляют дополнительную активность, аналогичную белкам рапса.

В конопле найдено 194 белка, из которых исследовано два близких по последовательности запасных протеина, относящихся к бифункциональным ингибиторам/переносчикам липидов. Для конопли характерны эдестин, альбумин и вицилин [10]. Конопляные белки характеризуются сбалансированным чередованием гидрофобных и гидрофильных участков и высоким содержанием аргинина, что способствует формированию мягких гелей и делает их ценным источником растительного протеина. Их основная функция связана с транспортом липидов через мембраны; также они обладают широким спектром дополнительной биологической активности [11]. В таблице 2 представлена полная аминокислотная последовательность выбранных белков.

Таблица 1 – Характеристики белков рапса, нута и конопли
Table 1 – Protein characteristics of rapeseed, chickpea and hemp

Номер белка в базе UniProt ID	Наименование белка	Количество аминокислот в последовательности	Молекулярная масса, КДа	Биологическая функция	Изоформы
<i>Rapeseed (Brassica napus)</i>					
P17333	Напин1.7S	180 AA	20,318	связывание ДНК и РНК; транспортная активность; связывание белка и липидов; антиоксидантная активность; активность регулятора ферментов; связывание углеводов; метаболизм углеводов; передача сигналов	135
P27740	Напин-Б1.7S	178 AA	20,114	связывание ДНК и РНК; транспортная активность; связывание белка и липидов; антиоксидантная активность; активность регулятора ферментов; связывание углеводов; метаболизм углеводов; передача сигналов	136
<i>Hemp (Cicer arietinum)</i>					
A0A1S2YEN0	26S протгесаома, не-АТФазная регуляторная субъединица 1, гомолог	1,007 AA	109,227	выступает в качестве регуляторной субъединицы 26-й протгесаомы, участвующей в АТФ-зависимой деградации убиквитинированных белков; связывание ДНК и РНК; транспортная активность; связывание белка и липидов; антиоксидантная активность; активность регулятора ферментов; связывание и метаболизм углеводов; передача сигналов	257
A0A1S3DWD0	неспецифический белок-переносчик липидов	133 AA	14,518	переносят как фосфолипиды, так и галактолипиды через мембраны; могут играть роль в отложении воска или кутина в клеточных стенках расширяющихся эпидермальных клеток и некоторых секреторных тканей; связывание ДНК и РНК; транспортная активность; связывание белка и липидов; антиоксидантная активность; активность регулятора ферментов; связывание и метаболизм углеводов; передача сигналов	4
<i>конопля (Sambidb sativa)</i>					
A0AB40E4W0	бифункциональный ингибитор/белок переноса липидов растений; белок, содержащий спиральный домен хранения семян	151 AA	17,558	такая же как у специфического белок-переносчика липидов (A0A1S3DWD0)	8
A0A7L6DXD1	бифункциональный ингибитор/белок переноса липидов растений; белок, содержащий спиральный домен хранения семян	151 AA	17,558	такая же как у специфического белок-переносчика липидов (A0A1S3DWD0)	8

Таблица 2 – Аминокислотная последовательность исследуемых белков
Table 2 – Amino acid sequence of the studied proteins

Номер белка в базе UnitProt ID	Наименование белка	Аминокислотная последовательность белка
P17333	Напин-1.7S	MANKLFLVSA TLAFFFLLTNASIYRTIVVEDEDDATNPA GPFRIKCRKEFQQA QHLKACQQW LHKQAMQSGSPSW TLDGEFDFEDD MENPQQRPPLLQQCCNELHQEERLVCVPTLKGAS KAVKQQVRQQGQQGQQQLQVISRIYQTATHLPKVCNIPQVSVCPFQKTPMGPSY
P27740	Напин-Б1.7S	MANKLFLVSA TLAFFFLLTNASIYRTIVVEDEDDATNPA GPFRIKCRKEFQQA QHLKACQQW LHKQAMQSGSPSW TLDGEFDFEDD MENPQQRPPLLQQCCNELHQEERLVCVPTLKGAS KAVKQQIQQQGQQGQQKLMYSRIYQTATHLPKVCNIPQVSVCPFQKTPMGPSY
A0A1S2YEN0	26S протеасома, не-АТФазная регуляторная субъединица 1, гомолог	MATTLVSSAGGMLAMLNESHLSLKLHALSNLNNLVDSFWPEISTSVPLIESLYEDEEFDQHQR QLAALLVSKV FYL GELNDSLSYALGAGPLFDVSEDSYVHTLLAKAIDEYASLKSKAAEESD ESINVDPRLEAIVERLLDKCIVDGKYQQAMGTAIECRRLDKLEEAITKSDNVQGTLSYCIHVSH SFVNLREYRQEVLRLLVKVFQKLSPPDYLSICQCLMFLDEPEGVASILEKLLRSENKDDALLAL QIAFDLVENEHQAFLLNVRDLALPKSQPSESAQPKPSDEGATQNA GAGSPDDVQMTDGD SA AASASVNLPEPIEKMYAERLTKLKGLSGETSIQLTLQFLYSHNKSDLLILKTKQSVEMRNS VCHSATIYANAIMHAGTTVDTLRENLDWLSRATNWKFSATAGLVHHRHLQQGRSLMAP YLPQGGTGGGSPYSEGGALYALGLIHANHGEGIKQFLRDSLSTTVEVIQHGA CLGLGLASL GTADEDIYBEIKNVLYTDSAVAGEAAGISMGLLMVGTGSDKANEMLTYAHETQHEKIIRGLAL GIALTVYGREEEADTLIEQMTRDQDPILRYGGMYALALAYRGTANNKAIRQLLHFAVSDVSD DVRTAVLALGFVLYSDPEQTPRIVLSSEYNPHVRYGAALAVGISCAGTGLSEAIISLEPLTS DVVDFVROGALIAMAMVMVQISEASDSRVGTRRQLEKIILDKHEDTMSKMGAILASGILDAG GRNVTIRLSKTKHKITAVVGLAVFSQFWYWPYLYFISLAFSPTALIGLNSDLKSPKFEFLSH AKPRLFEPKPTTPTTSTVKLPTAVLSTSAKAKARANKKABEQKANAEISSGPDSTSSAGKG KSSGEKDGEMQVDSPTTEKKSEPEPSFEILTNP ARVVPQAEKFIKFLQDSRYVVPVKLAPSGFVL LKDLRPTPEVLAITDTPASITSTAAGSGGQLQSSSSAMAVDEEPQPPPEYSS
A0A1S3DWD0	неспецифический белок-переносчик липидов	MLKTIFVNFKFLTMKPTSFVGGSSRATLLVILV FVSSCEAYLTCGNVITLYLGPCLNYIAGNEKT LPGSCCEAAKGVLSAVTSKLDKMAVACECVKRIAYHL YAKPENAKDIPNKCAIQFPYDISPYD CSTVE
A0AB40E4W0	бифункциональный ингибитор/белок переноса липидов растений; белок, содержащий спиральный домен хранения семян	MAKLSSTAALLAALLVAHAVAFAFR TTTTVESADDEDNYY YGGSSVPECRQQVQRQALSQCR MFMREKMMHGGGRFDEIDNYNQHFEQCCNQLRNINERCRCPALKMEIDQQRMRRSQPGEM RKMMVEAQDLPSMCRMAPQSCHFRTPYY
A0A7J6DXXD1		MAKLSSTAALLAALLVAHAVAFAFR TTTTVESADDEDNYY YGGSSVPECRQQVQRQALSQCR MFMREKMMHGGGRFDEIDNYNQHFEQCCNQLRNINERCRCPALKMEIDQQRMRRSQPGEM RKMMVEAQDLPSMCRMAPQSCHFRTPYY

Белки напін1.7S и напін-Б1 содержат 180 аминокислот с сигнальным пептидом. Преобладают Glu и Gln, Lys и Arg, характеризующиеся высокой растворимостью и биологической ценностью. Аминокислота Cys способна образовывать дисульфидные связи, способствующие стабильности белка. В технологии продуктов питания также важны технологические свойства белков, в частности водосвязывающая и эмульгирующие способности. Высокое содержание лизина, благодаря амфипатическому характеру, обеспечивает высокие технологические свойства и термостабильность белка [8].

Белок 26S протеасома и неспецифический белок-переносчик липидов состоят из 133 аминокислот. Преобладают Ala, Leu, Glu, Ser, которые обеспечивают поверхностно-активные свойства белков: эмульгирование (стабилизация жировых эмульсий в майонезах, кремах), пенообразование (йогурты, муссы), высокая растворимость за счет полярных кластеров. Протеасомная субъединица обеспечивает деградацию поврежденных белков (стабильность продукта), переносчик липидов стабилизирует жировые включения. Высокое содержание лизина повышает питательную ценность [8].

Исследуемые бифункциональные белки конопли содержат 150 аминокислот, из которых преобладают Arg, Gln, Ala и гидрофобные Leu, Val. Содержание указанных аминокислот определяет высокие эмульгирующие свойства (стабилизация жиров в кремах, напитках), транспорт липидов (защита масел от окисления) и гелеобразование благодаря спиральному домену. Наличие аргинина в исследуемых

белках делает растительный белок сбалансированным [11].

Сравнительный анализ аминокислотных последовательностей выявил высокую степень консервативности у белков рапса (P17333 и P27740), что подтверждает их принадлежность к одному семейству 2S альбуминов. В то же время белки нута демонстрируют значительную вариативность. Белок A0A1S2YEN0 выделяется экстремально большой длиной (более одной тысячи АК) и массой (109 кДа), что нетипично для классических «пассивных» запасных белков и указывает на его комплексную регуляторную роль в период созревания семени. Белки конопли идентичны по длине и массе, что может свидетельствовать о дубликации генов или наличии очень близких паралогов в геноме *Cannabis sativa*. Высокое содержание аргинина в этих последовательностях делает их ценными при использовании в составе лечебно-профилактических продуктов [11].

Заключение. В результате анализа основных белков рапса, нута и конопли по базе данных UniProt установлено, что белки рапса обладают наиболее изученными и многочисленными изоформами напіннов, что связано с интенсивной селекцией этой культуры. Белки нута характеризуются сложной функциональной активностью, включающей не только запасание питательных веществ, но и активное участие в метаболических процессах в организме (26S протеасома). Белки конопли демонстрируют структурную стабильность и перспективность для создания функциональных продуктов питания благодаря сбалансированному аминокислотному составу.

Список источников

1. Решетник Е. И., Уточкина Е. А. Практические аспекты проектирования функциональных продуктов питания : монография. Благовещенск : Дальневосточный государственный аграрный университет, 2012. 97 с. EDN NAUMXE.
2. Axentii M., Codină G. G. Exploring the nutritional potential and functionality of hemp and rapeseed proteins: A review on unveiling anti-nutritional factors, bioactive compounds, and functional attributes // Plants. 2024. Vol. 13. No. 9. P. 1195. doi: 10.3390/plants13091195.
3. Тазединова Д. Р., Тошев А. Д. Перспективы использования нута в производстве продуктов питания // Вестник Красноярского государственного аграрного университета. 2022. № 11 (188). С. 178–182. doi: 10.36718/1819-4036-2022-11-178-182. EDN TMGMDX.
4. Решетник Е. И., Шарипова Т. В., Максимюк В. А. Возможность использования нуттовой муки в производстве мясорастительных полуфабрикатов для геродиетического питания // Дальневосточный аграрный вестник. 2014. № 1 (29). С. 48–51.

5. Алексаночкин Д. И., Фоменко И. А., Алексеева Е. А., Чернуха И. М., Машенцева Н. Г. Получение растительного белка из семян и жмыха промышленной конопли: обзор способов переработки для использования в пищевой промышленности // *Пищевые системы*. 2024. Т. 7. № 2. С. 188–197. doi: 10.21323/2618-9771-2024-7-2-188-197. EDN AFNDTA.
6. UniProt : [сайт]. URL: <https://www.uniprot.org> (дата обращения: 10.06.2025).
7. Karabulut G., Subasi B. G., Ivanova P., Goksen G., Chalova V., Capanoglu E. Towards sustainable and nutritional-based plant protein sources: A review on the role of rapeseed // *Food Research International*. 2025. Vol. 202. P. 115553. doi: 10.1016/j.foodres.2024.115553.
8. Дегтярев И. А., Гаравири М., Фоменко И. А., Вострикова Н. Л., Машенцева Н. Г. Сравнение функционально-технологических свойств и аминокислотного состава изолятов белка растительного происхождения // *Вестник Красноярского государственного аграрного университета*. 2025. № 2 (215). С. 202–215. doi: 10.36718/1819-4036-2025-2-202-215. EDN YWAPCO.
9. Антипова Л. В., Аникеева Н. В. Исследование фракционного состава белков нута в аспекте получения белкового изолята // *Фундаментальные исследования*. 2006. № 5. С. 13–14.
10. Xin Sun, Yao Sun, Yao Li, Qiong Wu, Lei Wang. Identification and characterization of the seed storage proteins and related genes of *Cannabis sativa* L. // *Frontiers in Nutrition*. 2021. No. 8. P. 678421. doi: 10.3389/fnut.2021.678421.
11. Aiello G., Fasoli E., Boschini G., Lammi C., Zanoni Ch., Citterio A. [et al.]. Proteomic characterization of hempseed (*Cannabis sativa* L.) // *Journal of Proteomics*. 2016. No. 147. P. 187–196. doi: 10.1016/j.jprot.2016.05.033.

References

1. Reshetnik E. I., Utochkina E. A. *Practical aspects of designing functional food products: monograph*, Blagoveshchensk, Dal'nevostochnyi gosudarstvennyi agrarnyi universitet, 2012, 97 p. EDN NAUMXE (in Russ.).
2. Axentii M., Codinã G. G. Exploring the nutritional potential and functionality of hemp and rapeseed proteins: A review on unveiling anti-nutritional factors, bioactive compounds, and functional attributes. *Plants*, 2024;13;9:1195. doi: 10.3390/plants13091195.
3. Tazeddinova D. R., Toshev A. D. Prospects of using chickpeas in food production. *Vestnik Krasnoyarskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta*, 2022;11(188):178–182. doi: 10.36718/1819-4036-2022-11-178-182. EDN TMGMDX (in Russ.).
4. Reshetnik E. I., Sharipova T. V., Maksimyuk V. A. The possibility of using chickpea flour in the production of semi-finished meat products for herodietic nutrition. *Dal'nevostochnyi agrarnyi vestnik*, 2014;1(29):48–51 (in Russ.).
5. Aleksanochkin D. I., Fomenko I. A., Alekseeva E. A., Chernukha I. M., Mashentseva N. G. Obtaining plant protein from seeds and cake of industrial hemp: A review of processing methods for use in the food industry. *Pishchevye sistemy*, 2024;7;2:188–197. doi: 10.21323/2618-9771-2024-7-2-188-197. EDN AFNDTA (in Russ.).
6. UniProt. *Uniprot.org*. Retrieved from <https://www.uniprot.org> (Accessed 10 June 2025).
7. Karabulut G., Subasi B. G., Ivanova P., Goksen G., Chalova V., Capanoglu E. Towards sustainable and nutritional-based plant protein sources: A review on the role of rapeseed. *Food Research International*, 2025;202:115553. doi: 10.1016/j.foodres.2024.115553.
8. Degtyarev I. A., Garaviri M., Fomenko I. A., Vostrikova N. L., Mashentseva N. G. Comparison of functional and technological properties and amino acid composition of protein isolates of plant origin. *Vestnik Krasnoyarskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta*, 2025; 2(215):202–215. doi: 10.36718/1819-4036-2025-2-202-215. EDN YWAPCO (in Russ.).
9. Antipova L. V., Anikeeva N. V. Investigation of the fractional composition of chickpea proteins in the aspect of protein isolate production. *Fundamental'nye issledovaniya*, 2006;5:13–14 (in Russ.).

10. Xin Sun, Yao Sun, Yao Li, Qiong Wu, Lei Wang. Identification and characterization of the seed storage proteins and related genes of *Cannabis sativa* L. *Frontiers in Nutrition*, 2021;8: 678421. doi: 10.3389/fnut.2021.678421.

11. Aiello G., Fasoli E., Boschin G., Lammi C., Zanoni Ch., Citterio A. [et al.]. Proteomic characterization of hempseed (*Cannabis sativa* L.). *Journal of Proteomics*, 2016;147:187–196. doi: 10.1016/j.jprot.2016.05.033.

© Тихонов С. Л., Ковальногова С. А., Тихонова Н. В., Тимофеева М. С., 2026

Статья поступила в редакцию 01.02.2026; одобрена после рецензирования 28.02.2026; принята к публикации 02.03.2026.

The article was submitted 01.02.2026; approved after reviewing 28.02.2026; accepted for publication 02.03.2026.

Информация об авторах

Тихонов Сергей Леонидович, доктор технических наук, профессор, научный сотрудник, Российский биотехнологический университет; руководитель высшей школы биотехнологии, Уральский государственный лесотехнический университет; профессор кафедры техносферной и экологической безопасности, Уральский государственный аграрный университет, tihonov75@bk.ru;

Ковальногова Соня Александровна, студент бакалавриата, Уральский государственный лесотехнический университет, lkovalnogova2006@gmail.com;

Тихонова Наталья Валерьевна, доктор технических наук, профессор, зав. кафедрой пищевой инженерии и агарного производства, Уральский государственный аграрный университет;

Тимофеева Мария Сергеевна, ассистент кафедры биотехнологии и пищевых продуктов, Уральский государственный аграрный университет, maria_tih13.02@icloud.com

Information about the authors

Sergey L. Tikhonov, Doctor of Technical Sciences, Professor, Researcher, Russian Biotechnological University; Head of the Department of Higher School of Biotechnology, Ural State Forestry University; Professor of the Department of Technosphere and Environmental Safety, Ural State Agrarian University, tihonov75@bk.ru;

Sonya A. Kovalnogova, Undergraduate Student, Ural State Forestry University, lkovalnogova2006@gmail.com;

Natalya V. Tikhonova, Doctor of Technical Sciences, Professor, Head of the Department of Food Engineering and Agricultural Production, Ural State Agrarian University;

Maria S. Timofeeva, Assistant of the Department of Biotechnology and Food Products, Ural State Agrarian University, maria_tih13.02@icloud.com

Вклад авторов: все авторы сделали эквивалентный вклад в подготовку публикации. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Contribution of the authors: the authors contributed equally to this article. The authors declare no conflicts of interests.