

SSN 1561-8323 (Print)
ISSN 2524-2431 (Online)

БИОЛОГИЯ BIOLOGY

УДК 57.088.1:578.1
<https://doi.org/10.29235/1561-8323-2026-70-4-313-319>

Поступило в редакцию 29.05.2026
Received 29.05.2026

**М. С. Тарасик¹, В. В. Хрусталёв², О. В. Хрусталёва¹, У. В. Харитонов², П. В. Матусевич²,
И. В. Семак², Е. В. Малюшкова², Е. О. Корик², А. Н. Стожаров¹, Ченгуанг Шен³**

¹Белорусский государственный медицинский университет, Минск, Республика Беларусь
пр-т Дзержинского, 83, 220083, Минск, Республика Беларусь

²Белорусский государственный университет, Минск, Республика Беларусь
ул. Курчатова, 10, 220030, Минск, Республика Беларусь

³Южный медицинский университет, Гуанчжоу, Китайская Народная Республика
1023-1063, ул. Шатайнань, р-н Байюнь, Гуанчжоу, Китай

СТРУКТУРА КОНЬЮГАТА МОДИФИЦИРОВАННОГО ПЕПТИДА ИЗ АКТИВНОГО ЦЕНТРА НЕЙРАМИНИДАЗЫ ВИРУСА ГРИППА А H1N1 С МОДИФИЦИРОВАННЫМ КАПСИДНЫМ БЕЛКОМ ВИРУСА ОСПЫ ОБЕЗЬЯН

(Представлено членом-корреспондентом О. Ю. Барановым)

Аннотация. По результатам спектрального анализа оригинального вакцинного антигена (конъюгата модифицированного белка капсида A29L вируса оспы обезьян и одиннадцати молекул модифицированного пептида активного центра нейраминидазы вируса гриппа А H1N1) установлено, что пептидные фрагменты формируют бета-шпильки. Взаимодействие этих фрагментов приводит к образованию межмолекулярной параллельной и антипараллельной бета-структуры, стабильной в температурном интервале от 5 до 75 °С.

Ключевые слова: нейраминидаза, вирус гриппа, вирус оспы обезьян, вторичная структура, вакцинный антиген, спектроскопия кругового дихроизма, инфракрасная спектроскопия

Для цитирования. Структура конъюгата модифицированного пептида из активного центра нейраминидазы вируса гриппа А H1N1 с модифицированным капсидным белком вируса оспы обезьян / М. С. Тарасик, В. В. Хрусталёв, О. В. Хрусталёва [и др.] // Доклады Национальной академии наук Беларуси. – 2026. – Т. 70, № 4. – С. 313–319. <https://doi.org/10.29235/1561-8323-2026-70-4-313-319>

**Marina S. Tarasik¹, Vladislav V. Khrustalev², Olga V. Khrustaleva¹, Ulyana V. Kharytonova², Pavel V. Matusevich²,
Igor V. Semak², Elena V. Maliushkova², Elena O. Korik², Aleksander N. Stojarov¹, Chenguan Shen³**

¹Belarusian State Medical University, Minsk, Republic of Belarus
83, Dzerzhinskogo Ave., 220083, Minsk, Republic of Belarus

²Belarusian State University, Minsk, Republic of Belarus
10, Kurchatov Str., 220030, Minsk, Republic of Belarus

³Southern Medical University, Guangzhou, China
1023-1063, Shatai South Road, Baiyun District, Guangzhou, China

STRUCTURE OF A CONJUGATE OF A MODIFIED PEPTIDE FROM THE ACTIVE CENTER OF NEURAMINIDASE OF THE INFLUENZA A H1N1 VIRUS WITH A MODIFIED CAPSID PROTEIN OF THE MONKEYPOX VIRUS

(Communicated by Corresponding Member Oleg Yu. Baranov)

Abstract. Spectral analysis of the original vaccine antigen (a conjugate of a modified Monkeypox virus A29L capsid protein and eleven molecules of a modified active-site peptide from the influenza A H1N1 virus neuraminidase) revealed that the peptide fragments form beta-hairpins. The interaction of these fragments results in the formation of an intermolecular parallel and antiparallel beta-sheet structure, stable in the temperature range of 5 to 75 °C.

Keywords: neuraminidase, influenza virus, Monkeypox virus, secondary structure, vaccine antigen, circular dichroism spectroscopy, infrared spectroscopy

For citation. Tarasik M. S., Khrustalev V. V., Khrustaleva O. V., Kharytonova U. V., Matushevich P. V., Semak I. V., Maliushkova E. V., Korik E. O., Stojarov A. N., Chenguan Shen. Structure of a conjugate of a modified peptide from the active center of neuraminidase of the influenza A H1N1 virus with a modified capsid protein of the Monkeypox virus. *Doklady Natsional'noi akademii nauk Belarusi = Doklady of the National Academy of Sciences of Belarus*, 2026, vol. 70, no. 4, pp. 313–319 (in Russian). <https://doi.org/10.29235/1561-8323-2026-70-4-313-319>

Введение. Дизайн вакцинного антигена сопряжен с решением ряда архитектурных задач. Желательно спроектировать его так, чтобы вакцинный антиген был максимально схожим с естественным, перенаправив иммунный ответ именно на те его фрагменты, к которым вырабатываются антитела с нейтрализующей активностью [1]. При этом сам антиген должен обладать достаточно устойчивой структурой [2]. В настоящей работе была предпринята попытка собрать нейраминидазу вируса гриппа H1N1 с использованием только одной из восьми петель, нависающих над ее активным центром.

Сам по себе капсидный белок A29L вируса оспы обезьян обладает высокой иммуногенностью [3]. Использование его в качестве носителя для коротких антигенов должно повышать иммуногенность последних [4]. Достаточная гибкость белка A29L должна дать возможность присоединенным к нему молекулам пептида провзаимодействовать друг с другом.

Поскольку иммуногенные эпитопы нейраминидазы представляют собой петли над полостью, в которой находится активный центр [1], есть возможность вносить стабилизирующие аминокислотные замены в относительно гидрофобные, не экспонированные на поверхности белка бета-тяжи, между которыми находятся эти петли.

Определить трехмерное строение конъюгатов белков с пептидами на атомистическом уровне – задача практически невыполнимая, так как система не будет обладать достаточной степенью однородности как в кристалле, так и в водном растворе. Однако современные спектральные методы анализа позволяют довольно точно определить процентное соотношение аминокислотных остатков в разных элементах вторичной структуры. Расширенная библиотека сервера BeStSel [5] позволяет дифференцировать разные типы альфа-спиралей и бета-структуры, что делает описание спектров кругового дихроизма гораздо более детализированным. Программное обеспечение для ИК-спектрографа Prota-3S позволяет решить проблему с перекрытием полосы поглощения пептидных связей белка полосой поглощения воды [6], что наконец дало возможность определять вторичную структуру белков в водном растворе методом ИК-спектроскопии.

Материалы и методы исследования. В качестве материала для исследования использовали препарат конъюгата модифицированного капсидного белка вируса оспы обезьян A29L с модифицированным пептидом из активного центра нейраминидазы вируса гриппа H1N1.

Белок A29L с сигнальным пептидом и полигистидиновым тегом (обозначены курсивом) получали рекомбинантным путем в *E. coli*. Последовательность белка – *METDTLLLWVLLLWVPGSTGDM*DTLFPGLDLDLAIPATEFFSTKAANKPETKREAIIVKAYGDDNEETLKQRLTNLEKK**LT**TKFEQIEKCK**W**NDEVLFRLEN**W**AETLRAAMISLAKKIDVQTGRRPYE**HHHHHHH** (аминокислотные замены обозначены жирным почеркнутым шрифтом).

Аминокислотные замены были введены в последовательность с целью стабилизировать альфа-спиральную конформацию белка (две замены Ile на Leu) и предотвратить pH-зависимые структурные переходы (две замены His на Trp).

Фрагмент нейраминидазы вируса гриппа H1N1 был получен путем твердофазного химического синтеза. Последовательность с аминокислотными заменами (обозначены жирным подчеркнутым шрифтом): FWVE**IT**GRPEENTIWTSGSSISFC.

Замены Leu на Ile и Arg на Thr были введены с целью поддержания пептидом бета-структурной конформации.

Синтез и конъюгацию этих двух полипептидов проводили коммерчески (Elasbscience), в то время как дизайн антигена принадлежит авторам статьи. Для конъюгации использовали линкер SMCC, который взаимодействует с аминогруппами остатков лизина и со свободной N-концевой аминогруппой белка-носителя и с сульфгидрильными группами остатка цистеина пептида.

Конъюгацию проводили при избытке пептида. Несвязавшийся пептид отфильтровывали с помощью центрифужного фильтра Merck Millipore Amicon Ultra 30 kDa, центрифугировали в режиме 20 мин, 2500 g, 20 °C.

Препарат конъюгата подвергали денатурирующему SDS-электрофорезу в 15 %-ном акриламидном геле в соответствии со стандартными протоколами [7], окрашивали гель по методу Wang et al. [8].

Спектры КД снимали на спектрографе JASCO 1500 для очищенного конъюгата при нагревании. Очистку исходного препарата проводили путем центрифужной ультрафильтрации. Скорость нагревания – 1 °C/мин. Концентрацию определяли по коэффициенту молярной экстинкции. Деконволюцию спектров проводили с помощью сервера BeStSel [5].

ИК-спектры нарушенного полного внутреннего отражения снимали на спектрографе Protas-3S. Спектры обрабатывали в программе Protacal, с помощью которой вычитали спектры воздуха и буфера, сглаживали спектры с окном в 3 см⁻¹. Процедуру записи спектра запускали пять раз. Каждый раунд завершался суммацией 200 спектров.

Модель пептида была получена с помощью сервера trRosetta [9]. Белок-белковый докинг проводили с помощью программы Nhexx 8.0.0 [10].

Результаты и их обсуждение. Препарат конъюгата пептида из активного центра нейраминидазы вируса гриппа H1N1 с белком A29L вируса оспы обезьян по данным денатурирующего электрофореза (рис. 1) представляет собой смесь, состоящую из собственно конъюгата (молекулярная масса в районе 50 кДа) и несвязавшихся с носителем молекул пептида (молекулярная масса значительно ниже 10 кДа). Расчет молекулярной массы конъюгата по аминокислотной последовательности с учетом массы линкера показал, что количество связавшихся молекул пептида на одну молекулу белка-носителя составило 11. Для очистки от свободных молекул пептида нами была использована центрифужная ультрафильтрация через фильтр с порогом отсечения 30 кДа. Во время процедуры фильтрации конъюгат был переведен в 0,01M фосфатный буфер с pH = 7,4.

Результаты спектроскопии кругового дихроизма очищенного препарата свидетельствуют об относительной стабильности вторичной структуры конъюгата к изменению температуры в диапазоне от 5 до 75 °C: спектры похожи друг на друга по форме и интенсивности (рис. 2, а), минимум расположен при 233 нм. Только спектр, снятый при температуре 80 °C, отличается от всех остальных такими особенностями, как усиление и значительное расширение отрицательного пика в области 200–230 нм. Эти данные заставляют признать, что внесенные аминокислотные замены привели к повышению стабильности вторичной структуры всего антигена к нагреванию.

Анализ вторичной структуры конъюгата с помощью сервера BeStSel позволил приблизиться к пониманию архитектуры предложенного нами нового двухкомпонентного антигена. В диапазоне от 5 до 75 °C процент аминокислотных остатков в составе нерегулярной альфа-спирали был на уровне 5 % (около 21 остатка). Это говорит о сохранении наиболее устойчивых фрагментов альфа-спирали в составе капсидного белка A29L. Бета-структура отличалась своей гетерогенностью: 10 – 13 % антипараллельной расслабленной бета-структуры, 5 – 9 % антипараллельной левозакрученной бета-структуры и 4 – 12 % параллельной бета-структуры. При нагревании пробы от 75 до 80 °C процент параллельной бета-структуры резко вырос (до 27 %), а антипараллельная расслабленная бета-структура исчезла (рис. 2, б). Такой переход может быть связан с формированием более тесных контактов между молекулами пептида.

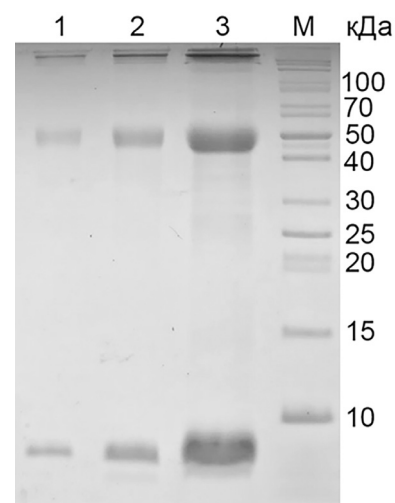


Рис. 1. Электрофореграмма: дорожка «1» – 2 мкл раствора конъюгата; дорожка «2» – 5 мкл раствора конъюгата; дорожка «3» – 15 мкл раствора конъюгата; дорожка «М» – маркеры молекулярных масс

Fig. 1. Electropherogram: lane “1” – 2 µl of conjugate solution; lane “2” – 5 µl of conjugate solution; lane “3” – 15 µl of conjugate solution; lane “M” – molecular weight markers

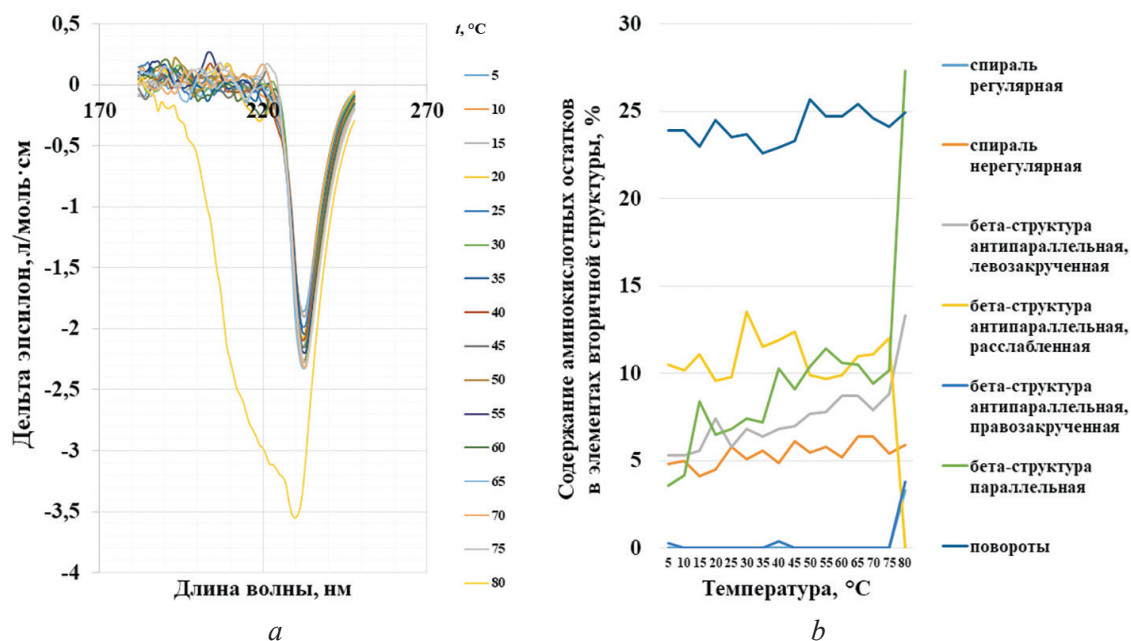


Рис. 2. Спектры кругового дихроизма (*a*) и результаты их деконволюции (*b*) по мере нагревания раствора конъюгата в 0,01M фосфатном буфере с pH = 7,4 от 5 до 80 °C

Fig. 2. Circular dichroism spectra (*a*) and the results of their deconvolution (*b*) as the conjugate solution in 0.01M phosphate buffer with pH = 7.4 was heated from 5 to 80 °C

Результаты инфракрасной спектроскопии нарушенного полного внутреннего отражения в водном растворе (рис. 3, *a*) и в частично дегидратированном состоянии (рис. 3, *b*) в целом согласуются с результатами деконволюции спектров кругового дихроизма. На обоих спектрах положение максимума находится при волновом числе 1641 см^{-1} , что соответствует антипараллельной бета-структуре с учетом наличия дополнительного пика при $1677,95\text{ см}^{-1}$ [11]. Помимо этого пика на спектрах присутствует пик при 1632 см^{-1} , также соответствующий бета-структуре, причем, параллельной [12], и пик при 1612 см^{-1} , свидетельствующий о формировании бета-структуры

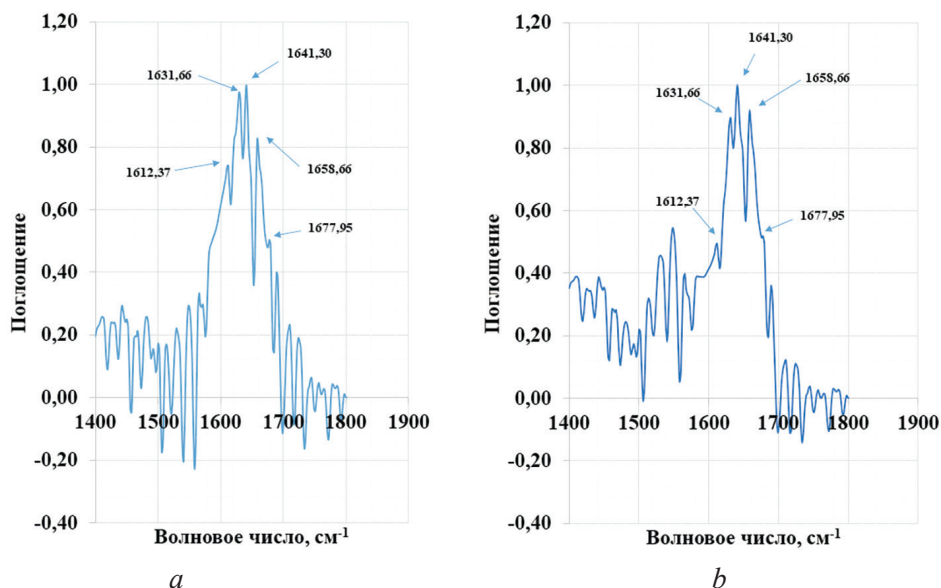


Рис. 3. Результаты инфракрасной спектроскопии нарушенного полного внутреннего отражения для раствора конъюгата в 0,01M фосфатном буфере с pH = 7,4 (*a*) и в частично дегидратированном состоянии (*b*)

Fig. 3. Results of infrared attenuated total reflectance spectroscopy for a conjugate solution in 0.01M phosphate buffer with pH = 7.4 (*a*) and in a partially dehydrated state (*b*)

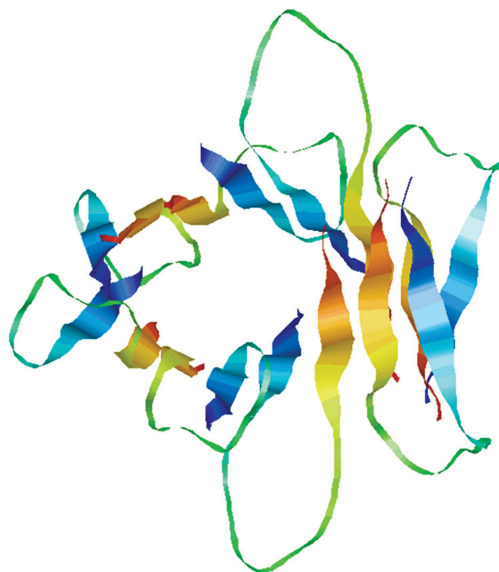


Рис. 4. Репрезентация взаимодействия молекул пептида друг с другом в составе конъюгата по результатам белок-белкового докинга: N-концевые бета-тяжи окрашены синим, C-концевые бета-тяжи – оранжевым

Fig. 4. Representation of the interaction of peptide molecules with each other in the conjugate based on the results of protein-protein docking: N-terminal beta-strands are colored blue, C-terminal beta-strands are colored orange

межмолекулярной [13]. Отмечается на спектрах и пик при 1659 см^{-1} , характерный для альфа-спиралей [11]. При частичной дегидратации интенсивность бета-структурных пиков при 1612 и 1632 см^{-1} несколько снижается, а интенсивность альфа-спирального при 1659 см^{-1} – несколько возрастает.

Если считать, что каждая молекула пептида представляет собой бета-шпильку, то при температуре до $75\text{ }^{\circ}\text{C}$ эти молекулы формируют параллельную бета-структуру на коротких участках цепей (в пределах одного из двух бета-тяжей), а при дальнейшем нагревании бета-шпильки «раскрываются», что позволяет образовывать параллельную бета-структуру на протяжении всей длины пептида. Сам факт наличия параллельной бета-структуры в конъюгате свидетельствует о том, что молекулы пептида действительно друг с другом взаимодействуют. Близкое друг относительно друга расположение в цепи A29L остатков лизина (позиции: 44, 47, 52, 58, 69, 77, 78, 85, 91, 94, 119, 120) явно способствует этому. Вполне вероятно, что группировка молекул пептида в манере, изображенной на рис. 4, будет способствовать выработке антител именно к петле между бета-тяжами.

По результатам белок-белкового докинга при формировании димеров пептида параллельная бета-структура может формироваться между C-концевыми бета-тяжами. Димеры друг с другом могут образовывать только антипараллельную межмолекулярную бета-структуру. Такие тетрамеры могут объединяться в октомер с геометрически правильной структурой (рис. 4). Вполне вероятно, что к восьми молекулам пептида могут добавляться еще от одной до трех. Для формирования такой структуры цепь белка-носителя должна обладать значительной гибкостью. Судя по предсказаниям внутренне неупорядоченных участков полипептидной цепи с помощью PentUnFOLD 1D [14], возможность для «изгиба» цепи между фрагментами, содержащими по два остатка лизина в непосредственной близости друг от друга, имеется. В частности: между Lys44/Lys47 и Lys52/Lys58; между Lys77/Lys78/Lys85 и Lys91/Lys94.

Можно предположить, что некоторые участки полипептидной цепи белка A29L при дегидратации переходят в альфа-спиральное состояние, чем могут нарушать архитектуру взаимодействующих за счет образования параллельной межмолекулярной бета-структуры молекул пептида, сокращая длину соответствующих бета-тяжей. Тем не менее, общее строение антигена при высушивании остается прежним.

Заклучение. Согласно результатам спектральных методов исследования, конъюгат модифицированного пептида из активного центра нейраминидазы вируса гриппа А H1N1 с капсидным белком вируса оспы обезьян A29L может быть использован на дальнейших этапах тестирования антигена для двухвалентной вакцины против вируса гриппа и вируса оспы обезьян.

Благодарности. Работа выполнена при поддержке БРФФИ (грант Б25КИ-46).

Acknowledgments. The work was supported by the BRFFR (grant Б25КИ-46).

Список использованных источников

1. Broadly neutralizing antibodies to combat influenza virus infection / X. Sun, H. Ma, X. Wang [et al.] // *Antiviral Research*. – 2024. – Vol. 221. – Art. 105785. <https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2023.105785>
2. Khrustalev, V. V. The PentaFOLD 3.0 algorithm for the selection of stable elements of secondary structure to be included in vaccine peptides / V. V. Khrustalev // *Protein and Peptide Letters*. – 2021. – Vol. 28, N 5. – P. 573–588. <https://doi.org/10.2174/0929866527666201110123851>
3. Rational mpox vaccine design: immunogenicity and protective effect of individual and multicomponent proteins in mice / X. Cheng, Y. Wang, B. Huang [et al.] // *Emerging Microbes and Infections*. – 2025. – Vol. 14, N 1. – Art. 2482702. <https://doi.org/10.1080/22221751.2025.2482702>
4. Carrier protein influences immunodominance of a known epitope: implication in peptide vaccine design / M. Ghosh, A. K. Solanki, K. Roy [et al.] // *Vaccine*. – 2013. – Vol. 31, N 41. – P. 4682–4688. <https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2013.06.110>
5. BeStSel: analysis site for protein CD spectra–2025 update / A. Micsonai, F. Wien, N. Murvai [et al.] // *Nucleic Acids Research*. – 2025. – Vol. 53, N W1. – P. W73–W83. <https://doi.org/10.1093/nar/gkaf378>
6. Infrared absorbance spectroscopy of aqueous proteins: Comparison of transmission and ATR data collection and analysis for secondary structure fitting / M. P. Corujo, M. Sklepari, D. L. Ang [et al.] // *Chirality*. – 2018. – Vol. 30, N 8. – P. 957–965. <https://doi.org/10.1002/chir.23002>
7. Protein electrophoresis: applications guide / Hoefer Scientific Instruments. – San Francisco, 1994. – P. 17–25.
8. Microwaveassisted and methanol/acetic acidfree method for rapid staining of proteins in SDS-PAGE gels / J. Wang, Z. Wang, W. Zhao, Y. Wang // *Analytical Biochemistry*. – 2024. – Vol. 691. – Art. 115553. <https://doi.org/10.1016/j.ab.2024.115553>
9. Generating dynamic structures through physicsbased sampling of predicted interresidue geometries / C. Xiang, W. Wang, Z. Peng, J. Yang // *Advanced Science*. – 2026. – Vol. 13, N 18. – Art. e18469. <https://doi.org/10.1002/adv.202518469>
10. Protein docking using casebased reasoning / A. W. Ghoorah, M. D. Devignes, M. SmailTabbone, D. W. Ritchie // *Proteins*. – 2013. – Vol. 81, N 12. – P. 2150–2158. <https://doi.org/10.1002/prot.24433>
11. Barth, A. Infrared spectroscopy of proteins / A. Barth // *Biochimica et Biophysica Acta*. – 2007. – Vol. 1767, N 9. – P. 1073–1101. <https://doi.org/10.1016/j.bbabo.2007.06.004>
12. Nanoscale infrared spectroscopy identifies parallel to antiparallel β sheet transformation of A β fibrils / S. Banerjee, D. Baghel, Md Hasan Ul Iqbal, A. Ghosh // *Journal of Physical Chemistry Letters*. – 2022. – Vol. 13, N 45. – P. 10522–10526. <https://doi.org/10.1021/acs.jpclett.2c02998>
13. Sadat, A. Peak fitting applied to Fourier transform infrared and Raman spectroscopic analysis of proteins / A. Sadat, I. J. Joye // *Applied Sciences*. – 2020. – Vol. 10, N 17. – Art. 5918. <https://doi.org/10.3390/app10175918>
14. The PentUnFOLD algorithm as a tool to distinguish the dark and the light sides of the structural instability of proteins / V. V. Poboinev, V. V. Khrustalev, T. A. Khrustaleva [et al.] // *Amino Acids*. – 2022. – Vol. 54. – P. 1155–1171. <https://doi.org/10.1007/s00726-022-03153-5>

References

1. Sun X., Ma H., Wang X., Bao Zh., Tang Sh., Yi C., Sun B. Broadly neutralizing antibodies to combat influenza virus infection. *Antiviral Research*, 2024, vol. 221, art. 105785. <https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2023.105785>
2. Khrustalev V. V. The PentaFOLD 3.0 algorithm for the selection of stable elements of secondary structure to be included in vaccine peptides. *Protein and Peptide Letters*, 2021, vol. 28, no. 5, pp. 573–588. <https://doi.org/10.2174/0929866527666201110123851>
3. Cheng X., Wang Y., Huang B., Bing J., Wang T., Han R., Huo S., Sun S., Shu C., Deng Y., Tan W. Rational mpox vaccine design: immunogenicity and protective effect of individual and multicomponent proteins in mice. *Emerging Microbes and Infections*, 2025, vol. 14, no. 1, art. 2482702. <https://doi.org/10.1080/22221751.2025.2482702>
4. Ghosh M., Solanki A. K., Roy K., Dhoke R. R., Ashish A., Roy S. Carrier protein influences immunodominance of a known epitope: implication in peptide vaccine design. *Vaccine*, 2013, vol. 31, no. 41, pp. 4682–4688. <https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2013.06.110>
5. Micsonai A., Wien F., Murvai N., Nyiri M. P., Balatoni B., Lee Y.-H., Molnár T., Goto Y., Jamme F., Kardos J. BeStSel: analysis site for protein CD spectra–2025 update. *Nucleic Acids Research*, 2025, vol. 53, no. W1, pp. W73–W83. <https://doi.org/10.1093/nar/gkaf378>
6. Corujo M. P., Sklepari M., Ang D. L., Millichip M., Reason A., Goodchild S. C., Wormell P., Amarasinghe D. P., Lindo V., Chmel N. P., Rodger A. Infrared absorbance spectroscopy of aqueous proteins: Comparison of transmission and ATR

data collection and analysis for secondary structure fitting. *Chirality*, 2018, vol. 30, no. 8, pp. 957–965. <https://doi.org/10.1002/chir.23002>

7. Hoefer Scientific Instruments. *Protein Electrophoresis: Applications Guide*. San Francisco, 1994, pp. 17–25.

8. Wang J., Wang Z., Zhao W., Wang Y. Microwaveassisted and methanol/acetic acidfree method for rapid staining of proteins in SDS-PAGE gels. *Analytical Biochemistry*, 2024, vol. 691, art. 115553. <https://doi.org/10.1016/j.ab.2024.115553>

9. Xiang C., Wang W., Peng Z., Yang J. Generating dynamic structures through physicsbased sampling of predicted interresidue geometries. *Advanced Science*, 2026, vol. 13, no. 18, art. e18469. <https://doi.org/10.1002/advs.202518469>

10. Ghoorah A. W., Devignes M. D., SmailTabbone M., Ritchie D. W. Protein docking using casebased reasoning. *Proteins*, 2013, vol. 81, no. 12, pp. 2150–2158. <https://doi.org/10.1002/prot.24433>

11. Barth A. Infrared spectroscopy of proteins. *Biochimica et Biophysica Acta*, 2007, vol. 1767, no. 9, pp. 1073–1101. <https://doi.org/10.1016/j.bbabi.2007.06.004>

12. Banerjee S., Baghel D., Md Hasan Ul Iqbal, Ghosh A. Nanoscale infrared spectroscopy identifies parallel to antiparallel β sheet transformation of A β fibrils. *Journal of Physical Chemistry Letters*, 2022, vol. 13, no. 45, pp. 10522–10526. <https://doi.org/10.1021/acs.jpclett.2c02998>

13. Sadat A., Joye I. J. Peak fitting applied to Fourier transform infrared and Raman spectroscopic analysis of proteins. *Applied Sciences*, 2020, vol. 10, no. 17, art. 5918. <https://doi.org/10.3390/app10175918>

14. Poboinev V. V., Khrustalev V. V., Khrustaleva T. A., Kasko T. E., Popkov V. D. The PentUnFOLD algorithm as a tool to distinguish the dark and the light sides of the structural instability of proteins. *Amino Acids*, 2022, vol. 54, pp. 1155–1171. <https://doi.org/10.1007/s00726-022-03153-5>

Информация об авторах

Тарасик Марина Сергеевна – ст. преподаватель. E-mail: qetuo22@mail.ru. ORCID: 0009-0006-0060-5351.

Хрусталёв Владислав Викторович – д-р биол. наук, профессор, декан. E-mail: vvkhrustalev@mail.ru. ORCID: 0000-0003-1373-3329.

Хрусталёва Ольга Викторовна – канд. хим. наук, доцент. E-mail: voi-olga@mail.ru. ORCID: 0000-0002-0060-4889.

Харитоновна Ульяна Витальевна – аспирант. E-mail: Ulyana221199@mail.ru. ORCID: 0009-0008-8030-0009.

Матусевич Павел Витальевич – научный сотрудник. E-mail: matpavit@gmail.com. ORCID: 0009-0009-5397-6799.

Семак Игорь Викторович – канд. биол. наук, доцент, заведующий кафедрой. E-mail: semak@bsu.by. ORCID: 0000-0001-9430-8492.

Малюшкова Елена Викторовна – ст. науч. сотрудник, ст. преподаватель. E-mail: malyushkova@gmail.com. ORCID: 0009-0000-5660-6536.

Корик Елена Олеговна – канд. биол. наук, доцент. E-mail: elkorik@gmail.com. ORCID: 0000-0002-7888-4518.

Стожаров Александр Николаевич – д-р биол. наук, профессор. E-mail: stojarov@mail.ru. ORCID: 0000-0002-7796-5316.

Ченгуанг Шен – профессор. E-mail: 5942342qq@163.com.

Information about the authors

Tarasik Marina S. – Senior Lecturer. E-mail: qetuo22@mail.ru. ORCID: 0009-0006-0060-5351.

Khrustalev Vladislav V. – D. Sc. (Biology), Professor, Dean. E-mail: vvkhrustalev@mail.ru. ORCID: 0000-0003-1373-3329.

Khrustaleva Olga V. – Ph. D. (Chemistry), Associate Professor. E-mail: voi-olga@mail.ru. ORCID: 0000-0002-0060-4889.

Kharytonova Ulyana V. – Postgraduate Student. E-mail: Ulyana221199@mail.ru. ORCID: 0009-0008-8030-0009.

Matusovich Pavel V. – Researcher. E-mail: matpavit@gmail.com. ORCID: 0009-0009-5397-6799.

Semak Igor V. – Ph. D. (Biology), Associate Professor, Head of the Department. E-mail: semak@bsu.by. ORCID: 0000-0001-9430-8492.

Maliushkova Elena V. – Senior Researcher, Senior Lecturer. E-mail: malyushkova@gmail.com. ORCID: 0009-0000-5660-6536.

Korik Elena O. – Ph. D. (Biology), Associate Professor. E-mail: elkorik@gmail.com. ORCID: 0000-0002-7888-4518.

Stojarov Aleksander N. – D. Sc. (Biology), Professor. E-mail: stojarov@mail.ru. ORCID: 0000-0002-7796-5316.

Chenguan Shen – Professor. E-mail: 5942342qq@163.com.