

- 5 **ОТ РЕДАКТОРА**  
**Биоинформатика и системная компьютерная биология**
- 7 **ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ**  
Метод поиска структурной гетерогенности сайтов связывания транскрипционных факторов с использованием альтернативных *de novo* моделей на примере FOXA2. *А.В. Цуканов, В.Г. Левицкий, Т.И. Меркулова*
- 18 **ОБЗОР**  
Геномная изменчивость в регуляторных районах генов, ассоциированная с заболеваниями человека: механизмы влияния на транскрипцию генов и полногеномные информационные ресурсы, обеспечивающие исследование этих механизмов. *Е.В. Игнатьева, Е.А. Матросова*
- 30 **ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ**  
Улучшение качества сборки *de novo* транскриптомов ячменя на основе гибридного подхода для линий с изменениями окраски колоса и стебля. *Н.А. Шмаков*
- 39 **ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ**  
Поиск участников сигнального пути ауксина к его транспортерам PIN на основе метаанализа транскриптомов, индуцированных ауксином. *В.В. Коврижных, З.С. Мустафин, З.З. Багаутдинова*
- 46 **ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ**  
Филостратиграфический анализ генных сетей заболеваний человека. *З.С. Мустафин, С.А. Лашин, Ю.Г. Матушкин*
- 57 **ОБЗОР**  
Пангеномы сельскохозяйственных растений. *А.Ю. Пронозин, М.К. Брагина, Е.А. Салина*
- 64 **ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ**  
Определение количественного содержания хлорофиллов в листьях по спектрам отражения алгоритмом случайного леса. *Е.А. Урбанович, Д.А. Афонников, С.В. Николаев*
- 71 **ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ**  
Автоматическое фенотипирование морфологии колоса тетра- и гексаплоидных видов пшеницы методами компьютерного зрения. *А.Ю. Пронозин, А.А. Паулиш, Е.А. Заварзин, А.Ю. Приходько, Н.М. Прохошин, Ю.В. Кручинина, Н.П. Гончаров, Е.Г. Комышев, М.А. Генеев*
- 82 **ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ**  
Анализ чувствительности и идентифицируемости математических моделей распространения эпидемии COVID-19. *О.И. Криворотько, С.И. Кабанихин, М.И. Сосновская, Д.В. Андорная*
- 92 **ОБЗОР**  
Механический стресс клеток мозга, локальная трансляция и нейродегенеративные заболевания: молекулярно-генетические аспекты. *Т.М. Хлебодарова*
- Биотехнология**
- 101 **ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ**  
Биоинформационный анализ сплайс-лидерного транс-сплайсинга у регенерирующего плоского червя *Macrostomum lignano* показал его преобладание среди консервативных генов и генов стволовых клеток. *К.В. Устьянцев, Е.В. Березиков (на англ. языке)*
- 108 **ОБЗОР**  
*Macrostomum lignano* как модельный объект для исследования генетики и геномики паразитических плоских червей. *К.В. Устьянцев, В.Ю. Вавилова, А.Г. Блинов, Е.В. Березиков*
- 117 **ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ**  
Трансгенная клеточная линия с индуцируемой транскрипцией для исследования механизмов экспансии (CGG)<sub>n</sub> повторов. *И.В. Грищенко, А.А. Тулунов, Ю.М. Рымарева, Е.Д. Петровский, А.А. Савелов, А.М. Коростышевская, Ю.В. Максимова, А.Р. Шорина, Е.М. Шитик, Д.В. Юдкин*
- 125 **ОБЗОР**  
Продукция субтилизиновых протеаз в бактериях и дрожжах. *А.С. Розанов, С.В. Шеховцов, Н.В. Богачева, Е.Г. Першина, А.В. Ряполова, Д.С. Бытяк, С.Е. Пельтек*

- 5 FROM THE EDITOR  
**Bioinformatics and computational systems biology**
- 7 ORIGINAL ARTICLE  
Application of alternative *de novo* motif recognition models for analysis of structural heterogeneity of transcription factor binding sites: a case study of FOXA2 binding sites. A.V. Tsukanov, V.G. Levitsky, T.I. Merkulova
- 18 REVIEW  
Disease-associated genetic variants in the regulatory regions of human genes: mechanisms of action on transcription and genomic resources for dissecting these mechanisms. E.V. Ignatieva, E.A. Matrosova
- 30 ORIGINAL ARTICLE  
Improving the quality of barley transcriptome *de novo* assembling by using a hybrid approach for lines with varying spike and stem coloration. N.A. Shmakov
- 39 ORIGINAL ARTICLE  
The auxin signaling pathway to its PIN transporters: insights based on a meta-analysis of auxin-induced transcriptomes. V.V. Kovrizhnykh, Z.S. Mustafin, Z.Z. Bagautdinova
- 46 ORIGINAL ARTICLE  
Phylostratigraphic analysis of gene networks of human diseases. Z.S. Mustafin, S.A. Lashin, Yu.G. Matushkin
- 57 REVIEW  
Crop pangenomes. A.Yu. Pronozin, M.K. Bragina, E.A. Salina
- 64 ORIGINAL ARTICLE  
Determination of the quantitative content of chlorophylls in leaves by reflection spectra using the random forest algorithm. E.A. Urbanovich, D.A. Afonnikov, S.V. Nikolaev
- 71 ORIGINAL ARTICLE  
Automatic morphology phenotyping of tetra- and hexaploid wheat spike using computer vision methods. A.Yu. Pronozin, A.A. Paulish, E.A. Zavarzin, A.Yu. Prikhodko, N.M. Prokhoshin, Yu.V. Kruchinina, N.P. Goncharov, E.G. Komyshev, M.A. Genaev
- 82 ORIGINAL ARTICLE  
Sensitivity and identifiability analysis of COVID-19 pandemic models. O.I. Krivorotko, S.I. Kabanikhin, M.I. Sosnovskaya, D.V. Andornaya
- 92 REVIEW  
The molecular view of mechanical stress of brain cells, local translation, and neurodegenerative diseases. T.M. Khlebodarova
- Biotechnology**
- 101 ORIGINAL ARTICLE  
Computational analysis of spliced leader trans-splicing in the regenerative flatworm *Macrostomum lignano* reveals its prevalence in conserved and stem cell related genes. K.V. Ustyantsev, E.V. Berezikov
- 108 REVIEW  
*Macrostomum lignano* as a model to study the genetics and genomics of parasitic flatworms. K.V. Ustyantsev, V.Yu. Vavilova, A.G. Blinov, E.V. Berezikov
- 117 ORIGINAL ARTICLE  
A transgenic cell line with inducible transcription for studying (CGG)<sub>n</sub> repeat expansion mechanisms. I.V. Grishchenko, A.A. Tulupov, Y.M. Rymareva, E.D. Petrovskiy, A.A. Savelov, A.M. Korostyshevskaya, Y.V. Maksimova, A.R. Shorina, E.M. Shitik, D.V. Yudkin
- 125 REVIEW  
Production of subtilisin proteases in bacteria and yeast. A.S. Rozanov, S.V. Shekhovtsov, N.V. Bogacheva, E.G. Pershina, A.V. Ryapolova, D.S. Bytyak, S.E. Peltek