

725

ОТ РЕДАКТОРА

Н.А. Колчанов, Ю.Г. Матушкин

Компьютерная геномика

728

ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ

Human_SNP_TATAdb – база данных о SNP, статистически достоверно изменяющих средство TATA-связывающего белка к промоторам генов человека: полногеномный анализ и варианты использования. С.В. Филонов, Н.Л. Подколотный, О.А. Подколотная, Н.Н. Твердохлеб, П.М. Пономаренко, Д.А. Рассказов, А.Г. Богомолов, М.П. Пономаренко

737

ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ

GBS-DP: биоинформатический конвейер для обработки данных, полученных генотипированием путем секвенирования. А.Ю. Пронозин, Е.А. Салина, Д.А. Афонников

Системная компьютерная биология

746

ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ

Центральный регуляторный контур геной сети морфогенеза механорецепторов дрозофилы: анализ *in silico*. Т.А. Бухарина, В.П. Голубятников, Д.П. Фурман

755

ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ

Бифуркационный анализ мультистабильности и гистерезиса в модели ВИЧ-инфекции. И.В. Миронов, М.Ю. Христиченко, Ю.М. Нечепуренко, Д.С. Гребенников, Г.А. Бочаров

768

ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ

Применение генных сетей к анализу результатов метаболического скрининга плазмы крови пациентов с послеоперационным делирием. В.А. Иванисенко, Н.В. Басов, А.А. Макарова, А.С. Вензель, А.Д. Рогачев, П.С. Деменков, Т.В. Иванисенко, М.А. Клещев, Е.В. Гайслер, Г.Б. Мороз, В.В. Плеско, Ю.С. Сотникова, Ю.В. Патрушев, В.В. Ломиворотов, Н.А. Колчанов, А.Г. Покровский

776

ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ

Молекулярно-генетические пути регуляции вирусом гепатита С экспрессии клеточных факторов PREB и PLA2G4C, играющих важную роль для репликации вируса. Е.Л. Мищенко, А.А. Макарова, Е.А. Антропова, А.С. Вензель, Т.В. Иванисенко, П.С. Деменков, В.А. Иванисенко

784

ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ

Приоритизация потенциальных фармакологических мишеней для создания лекарств против гепатокарциномы, модулирующих внешний путь апоптоза, на основе реконструкции и анализа ассоциативных генных сетей. П.С. Деменков, Е.А. Антропова, А.В. Адамовская, Е.Л. Мищенко, Т.М. Хлебодарова, Т.В. Иванисенко, Н.В. Иванисенко, А.С. Вензель, И.Н. Лаврик, В.А. Иванисенко

794

ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ

База знаний RatDEGdb по дифференциально экспрессирующимся генам крысы как модельного объекта биомедицинских исследований. И.В. Чадаева, С.В. Филонов, К.А. Золотарева, Б.М. Хандаев, Н.И. Ершов, Н.Л. Подколотный, Р.В. Кожемякина, Д.А. Рассказов, А.Г. Богомолов, Е.Ю. Кондратюк, Н.В. Климова, С.Г. Шихевич, М.А. Рязанова, Л.А. Федосеева, О.Е. Редина, О.С. Кожевникова, Н.А. Стефанова, Н.Г. Колосова, А.Л. Маркель, М.П. Пономаренко, Д.Ю. Ощепков

Структурная компьютерная биология и фармакология

807

ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ

Применение метода взвешенных гистограмм для расчета термодинамических параметров формирования комплексов олигодезоксирибонуклеотидов. И.И. Юшин, В.М. Голышев, Д.В. Пышный, А.А. Ломзов

Эволюционная компьютерная биология

815

ОБЗОР

Внутриопухолевая гетерогенность: модели возникновения и эволюции злокачественных опухолей. Р.А. Иванов, С.А. Лашин

820

ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ

Поиск дифференциально метилированных регионов в геномах древних и современных людей. Д.Д. Бородко, С.В. Женило, Ф.С. Шарко

829

ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ

Анализ особенностей эволюции генов рецепторов клеточной поверхности человека, участвующих в регуляции аппетита, на основе индексов филогенетического возраста и микроэволюционной изменчивости. Е.В. Игнатьева, С.А. Лашин, З.С. Мустафин, Н.А. Колчанов

839

ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ

О пространстве вариантов генетических последовательностей SARS-CoV-2. А.Ю. Пальянов, Н.В. Пальянова

Методы глубокого машинного обучения для биоинформатики и системной биологии

- 851 **ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ**
Сверточные нейронные сети для классификации по данным ЭЭГ здоровых людей, практикующих или не практикующих медитацию. С. Фу, С.С. Таможников, А.Е. Сапрыгин, Н.А. Истомина, Д.И. Клемешова, А.Н. Савостьянов

- 859 **ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ**
Определение содержания меланина и антоцианов в зернах ячменя на основе анализа цифровых изображений методами машинного обучения. Е.Г. Комышев, М.А. Генаев, И.Д. Бусов, М.В. Кожекин, Н.В. Артеменко, А.Ю. Глаголева, В.С. Коваль, Д.А. Афонников

Экологическая компьютерная биология

- 869 **ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ**
Математическое моделирование динамики кворум-эффекта в накопительной культуре люминесцентных бактерий *Photobacterium phosphoreum* 1889. С.И. Барцев, А.Б. Сарангова

- 878 **ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ**
Математическая модель системы жизнеобеспечения на основе водорослей, замкнутая по кислороду и углекислому газу. Д.А. Семёнов, А.Г. Дегерменджи

- 884 **ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ**
Феноменологическая модель негеномной изменчивости люминесцентных бактериальных клеток. С.И. Барцев (на англ. языке)

Компьютерная биология растений

- 890 **ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ**
DuSeModel: программное средство для одномерного моделирования распределения гормонов растений, контролирующего образование структуры ткани. Д.С. Азарова, Н.А. Омелянчук, В.В. Миронова, Е.В. Землянская, В.В. Лавреха (на англ. языке)

Техническая биоинформатика

- 898 **ОБЗОР**
Лабораторные информационные системы для управления исследовательскими работами в биологии. А.М. Мухин, Ф.В. Казанцев, С.А. Лашин

Молекулярная и клеточная биология

- 906 **ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ**
Анализ транскрипционной активности модельных riggyVas-трансгенов, стабильно интегрированных в разные локусы генома культивируемых клеток СНО при отсутствии селекционного давления. Л.А. Яринич, А.А. Огиенко, А.В. Пиндюрин, Е.С. Омелина

725

FROM THE EDITOR

N.A. Kolchanov, Yu.G. Matushkin

Computational genetics

728

ORIGINAL ARTICLE

Human_SNP_TATAdb: a database of SNPs that statistically significantly change the affinity of the TATA-binding protein to human gene promoters: genome-wide analysis and use cases. *S.V. Filonov, N.L. Podkolodnyy, O.A. Podkolodnaya, N.N. Tverdokhlebl, P.M. Ponomarenko, D.A. Rasskazov, A.G. Bogomolov, M.P. Ponomarenko*

737

ORIGINAL ARTICLE

GBS-DP: a bioinformatics pipeline for processing data coming from genotyping by sequencing. *A.Y. Pronozin, E.A. Salina, D.A. Afonnikov*

Systems computational biology

746

ORIGINAL ARTICLE

The central regulatory circuit in the gene network controlling the morphogenesis of *Drosophila* mechanoreceptors: an *in silico* analysis. *T.A. Bukharina, V.P. Golubyatnikov, D.P. Furman*

755

ORIGINAL ARTICLE

Bifurcation analysis of multistability and hysteresis in a model of HIV infection. *I.V. Mironov, M.Yu. Khristichenko, Yu.M. Nechepurenko, D.S. Grebennikov, G.A. Bocharov*

768

ORIGINAL ARTICLE

Gene networks for use in metabolomic data analysis of blood plasma from patients with postoperative delirium. *V.A. Ivanisenko, N.V. Basov, A.A. Makarova, A.S. Venzel, A.D. Rogachev, P.S. Demenkov, T.V. Ivanisenko, M.A. Kleshchev, E.V. Gaisler, G.B. Moroz, V.V. Plesko, Y.S. Sotnikova, Y.V. Patrushev, V.V. Lomivorotov, N.A. Kolchanov, A.G. Pokrovsky*

776

ORIGINAL ARTICLE

Molecular-genetic pathways of hepatitis C virus regulation of the expression of cellular factors PREB and PLA2G4C, which play an important role in virus replication. *E.L. Mishchenko, A.A. Makarova, E.A. Antropova, A.S. Venzel, T.V. Ivanisenko, P.S. Demenkov, V.A. Ivanisenko*

784

ORIGINAL ARTICLE

Prioritization of potential pharmacological targets for the development of anti-hepatocarcinoma drugs modulating the extrinsic apoptosis pathway: the reconstruction and analysis of associative gene networks help. *P.S. Demenkov, E.A. Antropova, A.V. Adamovskaya, E.L. Mishchenko, T.M. Khlebodarova, T.V. Ivanisenko, N.V. Ivanisenko, A.S. Venzel, I.N. Lavrik, V.A. Ivanisenko*

794

ORIGINAL ARTICLE

RatDEGdb: a knowledge base of differentially expressed genes in the rat as a model object in biomedical research. *I.V. Chadaeva, S.V. Filonov, K.A. Zolotareva, B.M. Khandaev, N.I. Ershov, N.L. Podkolodnyy, R.V. Kozhemyakina, D.A. Rasskazov, A.G. Bogomolov, E.Yu. Kondratyuk, N.V. Klimova, S.G. Shikhevich, M.A. Ryazanova, L.A. Fedoseeva, O.E. Redina, O.S. Kozhevnikova, N.A. Stefanova, N.G. Kolosova, A.L. Markel, M.P. Ponomarenko, D.Yu. Oshchepkov*

Structural computational biology and pharmacology

807

ORIGINAL ARTICLE

Application of the weighted histogram method for calculating the thermodynamic parameters of the formation of oligodeoxyribonucleotide duplexes. *I.I. Yushin, V.M. Golyshev, D.V. Pyshnyi, A.A. Lomzov*

Evolutionary computational biology

815

REVIEW

Intratumor heterogeneity: models of malignancy emergence and evolution. *R.A. Ivanov, S.A. Lashin*

820

ORIGINAL ARTICLE

Search for differentially methylated regions in ancient and modern genomes. *D.D. Borodko, S.V. Zhenilo, F.S. Sharko*

829

ORIGINAL ARTICLE

Evolution of human genes encoding cell surface receptors involved in the regulation of appetite: an analysis based on the phylostratigraphic age and divergence indexes. *E.V. Ignatieva, S.A. Lashin, Z.S. Mustafin, N.A. Kolchanov*

839

ORIGINAL ARTICLE

On the space of SARS-CoV-2 genetic sequence variants. *A.Yu. Palyanov, N.V. Palyanova*

Deep learning methods in bioinformatics and systems biology

- 851 ORIGINAL ARTICLE
Convolutional neural networks for classifying healthy individuals practicing or not practicing meditation according to the EEG data. *X. Fu, S.S. Tamozhnikov, A.E. Saprygin, N.A. Istomina, D.I. Klemeshova, A.N. Savostyanov*

- 859 ORIGINAL ARTICLE
Determination of the melanin and anthocyanin content in barley grains by digital image analysis using machine learning methods. *E.G. Komyshev, M.A. Genae, I.D. Busov, M.V. Kozhekin, N.V. Artemenko, A.Y. Glagoleva, V.S. Koval, D.A. Afonnikov*

Ecological computational biology

- 869 ORIGINAL ARTICLE
Mathematical modeling of quorum sensing dynamics in batch culture of luminescent bacterium *Photobacterium phosphoreum* 1889. *S.I. Bartsev, A.B. Sarangova*

- 878 ORIGINAL ARTICLE
Alga-based mathematical model of a life support system closed in oxygen and carbon dioxide. *D.A. Semyonov, A.G. Degermendzhi*

- 884 ORIGINAL ARTICLE
A phenomenological model of non-genomic variability of luminescent bacterial cells. *S.I. Bartsev*

Computational plant biology

- 890 ORIGINAL ARTICLE
DyCeModel: a tool for 1D simulation for distribution of plant hormones controlling tissue patterning. *D.S. Azarova, N.A. Omelyanchuk, V.V. Mironova, E.V. Zemlyanskaya, V.V. Lavrekha*

Industrial bioinformatics

- 898 REVIEW
Laboratory information systems for research management in biology. *A.M. Mukhin, F.V. Kazantsev, S.A. Lashin*

Molecular and cell biology

- 906 ORIGINAL ARTICLE
Analysis of the transcriptional activity of model piggyBac transgenes stably integrated into different loci of the genome of CHO cells in the absence of selection pressure. *L.A. Yarinich, A.A. Ogienko, A.V. Pindyurin, E.S. Omelina*