

ВАВИЛОВСКИЙ ЖУРНАЛ ГЕНЕТИКИ И СЕЛЕКЦИИ • VAVILOV JOURNAL OF GENETICS AND BREEDING
СОДЕРЖАНИЕ • 2025 • 29 • 7

911	ОТ РЕДАКТОРА Н.А. Колчанов, Т.А. Бухарина	990	ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ Выявление белков, регулирующих фенотип-ассоциированные гены макрофагов группы М2: биоинформационический анализ. Е.А. Антропова, И.В. Яцык, П.С. Деменков, Т.В. Иванисенко, В.А. Иванисенко
Компьютерная геномика			
913	ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ Отражение процессов повреждения ДНК в эволюции G-трактов в геномах. И.Р. Грин, Д.О. Жарков	1000	ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ Компьютерная реконструкция генной сети цитокиновой регуляции генов и белков, ассоциированных с РАС. Н.М. Леванова, Е.Г. Вергунов, А.Н. Савостьянов, И.В. Яцык, В.А. Иванисенко
925	ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ Связь иерархической классификации транскрипционных факторов по структуре ДНК-связывающего домена и вариабельности мотивов сайтов связывания этих факторов. В.Г. Левицкий, Т.Ю. Ватолина, В.В. Радица	1009	ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ Генная сеть и база знаний по терморегуляции организма человека. Е.В. Игнатьева, П.С. Деменков, А.Г. Богомолов, Р.А. Иванов, С.А. Лашин, А.Д. Михайлова, А.Е. Алексеева, Н.С. Юдин
940	ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ Программа PlantReg 1.1: анализ взаимного расположения сайтов связывания транскрипционных факторов в промоторах генов-мишеней для уточнения молекулярных механизмов их активности в регуляторных сетях. В.В. Лавреха, Н.А. Омельянчук, А.Г. Богомолов, Ю.А. Рябов, П.К. Мукебенова, Е.В. Землянская	1020	ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ Применение программно-информационной системы ANDSystem для поиска мишеней таргетной терапии ревматоидного артрита на основе анализа биологических процессов. Е.Л. Мищенко, И.В. Яцык, П.С. Деменков, А.В. Адамовская, Т.В. Иванисенко, М.А. Клещев, В.А. Иванисенко
952	ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ База знаний FlyDEGdb по дифференциально экспрессирующимся генам <i>Drosophila melanogaster</i> – модельного объекта биомедицины. О.А. Подколодная, М.А. Дерюженко, Н.Н. Твердохлеб, К.А. Золотарева, Ю.В. Маковка, Н.Л. Подколодный, В.В. Суслов, И.В. Чадаева, Л.А. Федосеева, А.А. Серяпина, Д.Ю. Ощепков, А.Г. Богомолов, Е.Ю. Кондратюк, О.Е. Редина, А.Л. Маркель, Н.Е. Грунтенко, М.П. Пономаренко	1031	ОБЗОР Математические модели метаболизма железа: структура и функции. Н.И. Мельченко, И.Р. Акбердин
	Системная компьютерная биология	1041	ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ Идентификация и анализ сетевой структуры связей между компонентами иммунной системы у детей. Д.С. Гребенников, А.П. Топтыгина, Г.А. Бочаров
963	ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ Реконструкция и анализ генной сети регуляции апоптоза при гепатоцеллюлярной карциноме на основе данных scRNA-seq и базы знаний ANDSystem. А.В. Адамовская, И.В. Яцык, М.А. Клещев, П.С. Деменков, Т.В. Иванисенко, В.А. Иванисенко	1051	ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ Самообучающиеся виртуальные организмы в физическом симуляторе: об оптимальном разрешении их зрительной системы, архитектуре нервной системы и вычислительной сложности задачи. М.С. Зенин, А.П. Девятериков, А.Ю. Пальянов
	Структурная компьютерная биология	1062	ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ Молекулярно-динамический анализ функциональной роли аминокислотных остатков V99, F124 и S125 ДНК-диоксигеназы человека АВН2. М. Чжао, Т.Е. Тюгашев, А.Т. Давлетгильдеева, Н.А. Кузнецов
978	ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ Сигнальный путь Hedgehog у человека: описание в базе знаний HH_Signal_pathway_db. Т.А. Бухарина, А.М. Бондаренко, Д.П. Фурман		

1073	оригинальное исследование Структурные основы влияния фосфорамидной <i>N</i> -бензимидазольной группы на эффективность удлинения модифицированного праймера Taq ДНК-полимеразой. А.А. Бердюгин, В.М. Голышев, А.А. Ломзов	Эволюционная биоинформатика
1084	оригинальное исследование Предсказание взаимодействий белка ORF3a SARS-CoV-2 с низкомолекулярными лигандами с использованием когнитивной платформы ANDSystem, графовых нейронных сетей и молекулярного моделирования. Т.В. Иванисенко, П.С. Деменков, М.А. Клещев, В.А. Иванисенко	Медицинская биоинформатика
1097	оригинальное исследование Влияние димерных бисбензимидазолов на активность ферментов репарации ДНК тирозил-ДНК-фосфодиэстераз 1 и 2 и поли(АДФ-рибоза)полимераз 1 и 2. Н.С. Дырхеева, И.А. Чернышова, А.Ф. Арутюнян, А.Л. Захаренко, М.М. Кутузов, К.Н. Науменко, А.С. Вензель, В.А. Иванисенко, С.М. Деев, А.Л. Жузе, О.И. Лаврик	1122 оригинальное исследование Асимметрия нуклеотидных замен в тРНК свидетельствует об общем происхождении современных организмов от термофильного предка. И.И. Титов
1109	оригинальное исследование Компьютерное моделирование пространственной динамики и первичной генетической дивергенции в системе популяций на кольцевом ареале. М.П. Кулаков, О.Л. Жданова, Е.Я. Фрисман	1129 оригинальное исследование Оценка зависимости показателей мозговой активности от индивидуальной однонуклеотидной вариабельности генетических маркеров большого депрессивного расстройства с использованием анализа главных компонент. К.А. Зорина, А.А. Кривецкий, В.С. Карманов, А.Н. Савостьянов
		1137 оригинальное исследование Старение кожи связано с локальным дисбалансом в Т-клеточном иммунитете. К.С. Матвеева, С.К. Колмыков, Т.С. Соколова, Д.Р. Салимов, Д.В. Шевырев
		Инструментальные средства биоинформатики
		1145 оригинальное исследование OrthoML2GO: предсказание функций белков по гомологии с использованием ортогрупп и алгоритмов машинного обучения. Е.В. Малюгин, Д.А. Афонников

911 **FROM THE EDITOR**
N.A. Kolchanov, T.A. Bukharina

Computational genomics

913 **ORIGINAL ARTICLE**
DNA damage reflected in the evolution of G-runs in genomes. I.R. Grin, D.O. Zharkov

925 **ORIGINAL ARTICLE**
Linking hierarchical classification of transcription factors by the structure of their DNA-binding domains to the variability of their binding site motifs. V.G. Levitsky, T.Yu. Vatolina, V.V. Raditsa

940 **ORIGINAL ARTICLE**
PlantReg 1.1 identifies the mutual arrangement of transcription factor binding sites in the target promoters for the elucidation of molecular mechanisms within regulatory networks. V.V. Lavrekha, N.A. Omelyanchuk, A.G. Bogomolov, Y.A. Ryabov, P.K. Mukebenova, E.V. Zemlyanskaya

952 **ORIGINAL ARTICLE**
FlyDEGdb knowledge base on differentially expressed genes of *Drosophila melanogaster*, a model object in biomedicine. O.A. Podkolodnaya, M.A. Deryuzhenko, N.N. Tverdokhleb, K.A. Zolotareva, Yu.V. Makovka, N.L. Podkolodny, V.V. Suslov, I.V. Chadaeva, L.A. Fedoseeva, A.A. Seryapina, D.Yu. Oshchepkov, A.G. Bogomolov, E.Yu. Kondratyuk, O.E. Redina, A.L. Markel, N.E. Grunenko, M.P. Ponomarenko

Systems computational biology

963 **ORIGINAL ARTICLE**
Reconstruction and analysis of the gene network regulating apoptosis in hepatocellular carcinoma based on scRNA-seq data and the ANDSystem knowledge base. A.V. Adamovskaya, I.V. Yatsyk, M.A. Kleshchev, P.S. Demenkov, T.V. Ivanisenko, V.A. Ivanisenko

978 **ORIGINAL ARTICLE**
Hedgehog signaling in humans: the HH_Signal_pathway_db knowledge base. T.A. Bukharina, A.M. Bondarenko, D.P. Furman

990 **ORIGINAL ARTICLE**
Identification of proteins regulating phenotype-associated genes of M2 macrophages: a bioinformatic analysis. E.A. Antropova, I.V. Yatsyk, P.S. Demenkov, T.V. Ivanisenko, V.A. Ivanisenko

1000 **ORIGINAL ARTICLE**
In silico reconstruction of the gene network for cytokine regulation of ASD-associated genes and proteins. N.M. Levanova, E.G. Vergunov, A.N. Savostyanov, I.V. Yatsyk, V.A. Ivanisenko

1009 **ORIGINAL ARTICLE**
The gene network and knowledge base on human thermoregulation. E.V. Ignatjeva, P.S. Demenkov, A.G. Bogomolov, R.A. Ivanov, S.A. Lashin, A.D. Mikhailova, A.E. Alekseeva, N.S. Yudin

1020 **ORIGINAL ARTICLE**
Searching for biological processes as targets for rheumatoid arthritis targeted therapy with ANDSystem, an integrated software and information platform. E.L. Mishchenko, I.V. Yatsyk, P.S. Demenkov, A.V. Adamovskaya, T.V. Ivanisenko, M.A. Kleshchev, V.A. Ivanisenko

1031 **REVIEW**
Mathematical models of iron metabolism: structure and functions. N.I. Melchenko, I.R. Akberdin

1041 **ORIGINAL ARTICLE**
Identification and analysis of the connection network structure between the components of the immune system in children. D.S. Grebennikov, A.P. Toptygina, G.A. Bocharov

1051 **ORIGINAL ARTICLE**
Self-learning virtual organisms in a physics simulator: on the optimal resolution of their visual system, the architecture of the nervous system and the computational complexity of the problem. M.S. Zenin, A.P. Devyaterikov, A.Yu. Palyanov

Structural computational biology

1062 **ORIGINAL ARTICLE**
Molecular dynamic analysis of the functional role of amino acid residues V99, F124 and S125 of human DNA dioxygenase ABH2. M. Zhao, T.E. Tyugashev, A.T. Davletgildeeva, N.A. Kuznetsov

1073

ORIGINAL ARTICLE

Structural basis of the phosphoramidate *N*-benzimidazole group's influence on modified primer extension efficiency by Taq DNA polymerase.

A.A. Berdugin, V.M. Golyshov, A.A. Lomzov

1084

ORIGINAL ARTICLE

Prediction of interactions between the SARS-CoV-2 ORF3a protein and small-molecule ligands using the ANDSystem cognitive platform, graph neural networks, and molecular modeling. *T.V. Ivanisenko, P.S. Demenkov, M.A. Kleshchev, V.A. Ivanisenko*

1097

ORIGINAL ARTICLE

The effect of dimeric bisbenzimidazoles on the activity of DNA repair enzymes TDP1, TDP2, PARP1 and PARP2.

N.S. Dyrkheeva, I.A. Chernyshova, A.F. Arutyunyan, A.L. Zakharenko, M.M. Kutuzov, K.N. Naumenko, A.S. Venzel, V.A. Ivanisenko, S.M. Deyev, A.L. Zhuze, O.I. Lavrik

Ecological and population genetics

1109

ORIGINAL ARTICLE

Computer modeling of spatial dynamics and primary genetic divergence for a population system in a ring areal.

M.P. Kulakov, O.L. Zhdanova, E.Ya. Frisman

Evolutionary bioinformatics

1122

ORIGINAL ARTICLE

Asymmetry of nucleotide substitutions in tRNAs indicates common descent of modern organisms from a thermophilic ancestor. *I.I. Titov*

Medical bioinformatics

1129

ORIGINAL ARTICLE

Assessing the dependence of brain activity on individual single-nucleotide variability of genetic markers of major depressive disorder using principal component analysis. *K.A. Zorina, A.A. Kriveckiy, V.S. Karmanov, A.N. Savostyanov*

1137

ORIGINAL ARTICLE

Senescent cell accumulation is associated with T-cell imbalance in the skin.

K.S. Matveeva, S.K. Kolmykov, T.S. Sokolova, D.R. Salimov, D.V. Shevyrev

Bioinformatics tools

1145

ORIGINAL ARTICLE

OrthoML2GO: homology-based protein function prediction using orthogroups and machine learning.

E.V. Malyugin, D.A. Afonnikov