

УДК 519.510.644; 577.212

К информационным технологиям живой природы

М. Я. Эйнгорин

Научно-исследовательское и опытно-конструкторское предприятие «СКИТ», Нижний Новгород, Россия

Резюме

Работа продолжает серию информационных исследований закономерностей в структурах грамматик кодирования генов. В работе показано существование математической, информационной и структурной строгости грамматик на базе кодограммы, аминокислотных диалектов, биохимических и физико-химических основ живой природы, говорящие о первичности основ и грамматик, вторичности и единстве генов живого.

Ключевые слова: нуклеотид, кодон, кодограмма, водородные связи ДНК, пури́н-пиримидиновые связи ДНК, РНК, диалект, грамматики диалектов, аминокислота, гидрофобность, гидрофильность, закон систематизации аминокислот живой природы, базовые аминокислоты, не базовые аминокислоты, аминокислотные диалекты, закон систематизации диалектов.

Клин. информат. и Телемед.**2011. Т.7. Вып.8. с.98–105**

Введение

Чаще всего, когда мы говорим об информационных технологиях мы имеем в виду человеческую деятельность. Но это более чем не корректно. Намного шире, интересней и разнообразней такие технологии создала Природа. Нам — людям до технологий природы достаточно далеко. Существенно более широкий спектр информационных технологий был использован Природой при создании жизни на Земле.

Мы привыкли к тому, что жизнь на Земле была создана путем случайных проб и ошибок, с отбором наилучших, положительных сочетаний. Но кто для дальнейшего развития может решать данная случайность хороша или плоха? И где те критерии по которым отбираются эти многочисленные случайности. Их нет или они слишком зыбки.

Вся живая природа Земли создана на основе информационных программ, записанных на базе четырех нуклеотидов в виде одномерных цепей РНК и ДНК. Кто и каким образом придумал этот информационный метод записи жизни длиннейшими цепями этих химических образований. Кто и как придумал преобразования, контроль, восстановления РНК и ДНК перед синтезом белковых цепей и контроль самих белков. Кто и как придумал белки, ферменты, саму клетку с ее функциональными возможностями, само их кодирование и кодирование всего организма через РНК и многое другое для этих сложнейших преобразований. Ведь это сложнейшие природные информационные процессы. Кто и как «изобрел» двойную спираль, открытую Криком и Уотсоном в 1953 году, четкую взаимосвязь нуклеотидов в ДНК, кодоны (тройки нуклеотидов для кодирования белков) и многое другое. Все нюансы назначения и функциони-

рования ДНК за прошедшие более чем 50 лет не постигнуты нами — людьми до настоящего времени. Как природа организовала на основе всего четырех нуклеотидов и двадцати аминокислот столь сложную и разнообразную жизнь на Земле. Подсчет случайного, вероятностного происхождения жизни на Земле даст нулевой результат.

В этой связи в работе я расскажу о части **моих результатов** за последние десять лет по проблеме информационных закономерностей основ живой природы. Фактически речь пойдет о части закономерностей, основ, **диалектов грамматик** на базе которых строится живая природа Земли. За основы десятилетних работ были взяты мои и совместные разработки в области комбинаторных структур и комбинаторной многомерной памяти, факты, полученные рядом крупнейших специалистов в области генетики, аминокислот и базовые работы [1–7].

К настоящему времени многим исследователям живого стало очевидно, что все процессы в клетках, органах и организмах живой природы основаны на функционировании значительного числа автоматов (ферментов), реализующих отдельные процессы преобразования информации, записанной на физико-химических, дискретных элементах (нуклеотидах) в РНК и ДНК. Материализация этой информации осуществляется другими автоматическими системами и комплексами, основанными так же на этих физико-химических структурах. Человек понял и объяснил многие физико-химические процессы, происходящие в живом, но намного более значительная часть этих процессов и структурных построений живого для него осталась тайной. Процессы создания живого могут быть поняты человеком только после того, как он поймет информационную сторону этих физико-химических процессов. Природа сегодня не спешит

открывать человеку свои тайны, да и сам человек на сегодня не всегда готов их воспринять.

Для того чтобы разобраться в функционировании сложнейших биологических систем, необходимо перевести их структуру и функционирование на более понятный человеку универсальный язык математики и информатики. Но это не так просто, ибо процессы и работа автоматов биологических систем часто не вписывается в разработанные человеком математические модели и методы. Возможно, необходимы новые методы в математике. Новые методы для моделирования вновь **должны быть выявлены и взяты** из функционирования биологических систем. В таких исследованиях важно то, что биологические информационные процессы и биологические автоматы дают такую возможность. Но их надо «разглядеть» и осознать. Подобная работа часто приводит к новым открытиям в области биологии. При подобных исследованиях не должна нарушаться биологическая сущность объекта и сама связь исследований с объектом. Такая работа ведется отдельными авторами и ни всегда корректно, что уводит в сторону и только усложняет проблему. Примеры привести не буду.

Ниже изложены некоторые результаты исследований, полученные автором с 1998 по 2009 год, которые должны быть отнесены к направлениям: **молекулярной информатики и молекулярной кибернетики.**

Результаты исследований диалектов грамматик кодирования генов

Перед автором стояла задача разобраться и связать воедино отдельные факты в молекулярной биологии и по возможности выявить новые. За основу были взяты работы [1–7].

1. Кодирование нуклеотидов

В структурах ДНК Природой используются четыре нуклеотида: Т, С, А и Г,

отобранные (созданные) ею, имеющие необходимые физико-химическими свойствами. В связи с чем спирали ДНК связаны двойными (V_2) для Т и А или тройными (V_3) для С и Г водородными связями. Они же имеют пиримидиновые (Pi) для Т и С или пуриновые (Pu) для А и Г взаимосвязи. Информационное кодирование нуклеотидов дано в табл. 1 [8, 9, 13, 14].

Табл. 1. Кодирование нуклеотидов.

Параметры нуклеотидов →		Pi	Pu	V_2	V_3	Код P/V	M г/моль	
Нуклеотиды ↓	Инф. код →	$x_p=0$	$x_p=1$	$x_v=0$	$x_v=1$	x_p/x_v	m_1	m_2
G		-	1	-	1	1/1	-	347
A		-	1	0	-	1/0	331	-
C		0	-	-	1	0/1	-	307
T (U)		0	-	0	-	0/0	322	-
$m = m_t + m_a \equiv m = m_c + m_g \rightarrow$		→	→	→	→	→	653	654

2. Кодонограмма

Информация в мРНК записана кодами (тройками нуклеотидов) в виде:

$$X_1 X_2 X_3 \quad (1)$$

где: X_1 – первый, X_2 – второй и X_3 – третий нуклеотид кодона, $X_1, X_2, X_3 \in (T, C, A, G)$.

В работах [8, 9], на основе известных базовых биологических закономерностей, автором выявлена и построена трехмерная конструкция – **кодонограмма** рис. 1. На рис. 2 дано информационное кодирование кодонов кодонограммы согласно табл. 1, где: трехзначный числитель – это параметры Pi-Pu, знаменатель – V_2-V_3 кодонов.

В работах [8, 9] для кодонограммы (кодонового «каркаса») были записаны логические функции важные для кодирования генов, в частности:

$$F(X_1 X_2 X_3)_1 = TX_2 X_3 \vee CX_2 X_3 \vee AX_2 X_3 \vee GX_2 X_3 - \text{элементарные кодоновые группы (ЭКГ)}_1$$

$$F(X_1 X_2 X_3)_2 = X_1 TX_3 \vee X_1 CX_3 \vee X_1 AX_3 \vee X_1 GX_3 - \text{элементарные кодоновые группы (ЭКГ)}_2$$

$$F(X_1 X_2 X_3)_3 = X_1 X_2 T \vee X_1 X_2 C \vee X_1 X_2 A \vee X_1 X_2 G - \text{элементарные кодоновые группы (ЭКГ)}_3$$

(2)

Из таблицы видно, что значения параметров нуклеотидов информационно представляют полный перебор всех двузначных двоичных чисел: 00, 01, 10 и 11. Очевидно, что это обеспечивает внешнюю «узнаваемость» нуклеотидов по их параметрам в генетических структурах. При этом, арифметические суммы масс нуклеотидов в г/моль Т и А, С и Г практически равны.

Где \vee – знак логической дизъюнкции (объединения) кодонов.

Каждой из функций (2) по 16. Из них 8 базовых (БЭКГ)₁ и 8 альтернативных (АЭКГ)₁, $j = (1-8)$. Показано, что в кодонограмме природой важнейшая роль отведена $F(X_1 X_2 X_3)_3$ [8, 9], разделенной на (БЭКГ)₃ и (АЭКГ)₃. На рис. 1 представлена кодонограмма, где «жирные» точки – это (БЭКГ)₃, нормальные точки – (АЭКГ)₃. (БЭКГ)₁ и (АЭКГ)₁ симметричны, ибо переворот рис. 1 относительно осей ++++ на 180° вдоль любого из координатных направлений X_1, X_2 и X_3 приводит к замене (БЭКГ)₁ на (АЭКГ)₁ и наоборот.

В построенной трехмерной структуре – кодонограмме (кодоновом каркасе) рис.1, стрелками даны взаимосвязи нуклеотидов и их параметров (Pi, Pu)-i, (V_2, V_3)-i, $i = 1-3$. На рис. 1 представлено функциональное расположение «трубок» I_j, II_j, III_j и IV_j. При этом видно, что трубка I₃ содержит только (БЭКГ)₃, трубка IV₃ – только (АЭКГ)₃, трубки II₃ и III₃ содержат по две симметрично расположенных (БЭКГ)₃ и (АЭКГ)₃. На пересечениях плоскостей:

$$\begin{aligned} & [(TX_2 X_3 \text{ и } AX_2 X_3) \text{ или } (CX_2 X_3 \text{ и } GX_2 X_3)] \text{ с} \\ & [(X_1 TX_3 \text{ и } X_1 AX_3) \text{ или } (X_1 CX_3 \text{ и } X_1 GX_3)] \text{ с} \\ & [(X_1 X_2 T \text{ и } X_1 X_2 A) \text{ или } (X_1 X_2 C \text{ и } X_1 X_2 G)] \end{aligned} \quad (3)$$

соответственно расположены связанные (комплементарные) кодоны ДНК. Эти

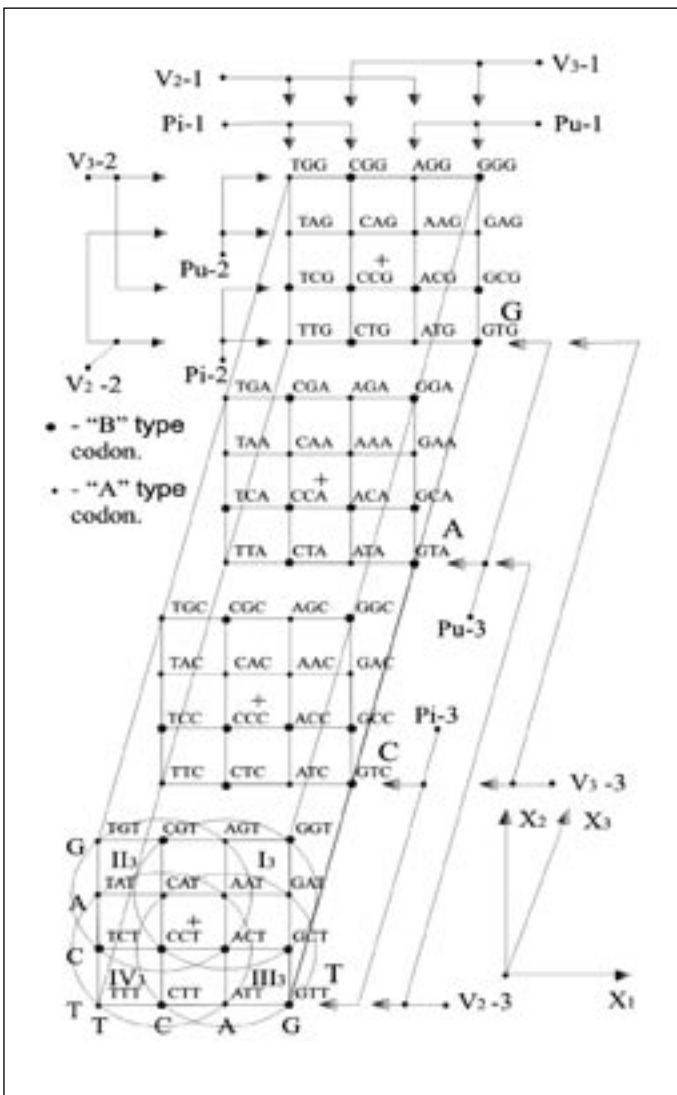


Рис. 1. Кодонограмма и ее сечения по параметрам.

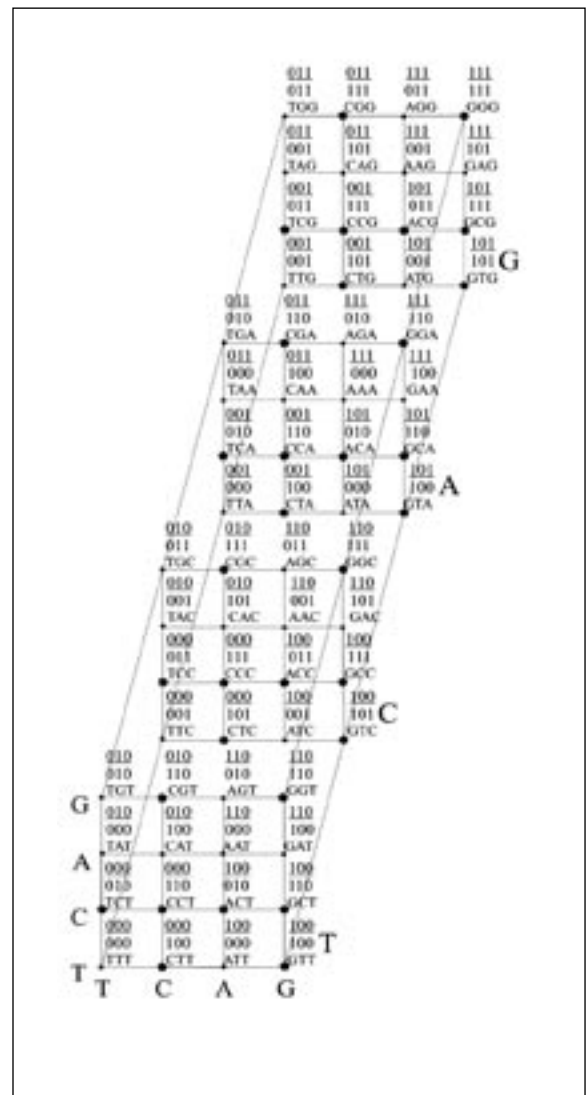


Рис. 2. Кодирование нуклеотидов кодонов по параметрам: пиримидин-пурин (Pi, Pu); двойная-тройная водородная связь (V₂, V₃).

плоскости соответствуют матрицам, которые назовем **ДНК-матрицами** кодонограммы. Связность ДНК-матриц соответствует V₂-V₂ и V₃-V₃ и Pi-Pu - связям значений параметров нуклеотидов. На рис. 2 дано информационное кодирование кодонов параметрами нуклеотидов в соответствии с табл. 1 и графикой рис. 1. При этом, верхняя тройка соответствует Pi, Pu, нижняя тройка соответствует V₂, V₃. Это шестизрядные двоичные коды, отличные друг от друга (их 2⁶), каждый из которых соответствует «своему» кодону.

На рис. 3 приведены примеры связанных кодонов ДНК: TGT ↔ ACA, TAT ↔ ATA, TCT ↔ AGA и TTT ↔ AAA. Всего связанных ДНК кодонов в кодонограмме – 32 [8, 9]. Связные нуклеотиды кодонов в ДНК – разнонаправлены.

3. Аминограмма

Соответствие кодонов кодонограммы рис. 1 аминокислотам на примере диалекта **УБК** представлено на рис. 4 [8, 9]. При этом каждая отдельная «жирная» линия вдоль X₃ или ее часть соответствует одной из 20 аминокислот (**A ... W**) и «покрывает» соответствующие кодоны. Кодонограмма и **аминограммы диалектов** оказались естественными природными конструкциями, в которых соединились особенности нуклеотидов, аминокислот и их параметров, особенности взаимосвязей нуклеотидов и аминокислот для синтеза ДНК, скрытых слоев кодирования (ССК) генов, белков, и связей с ферментами [8–11, 13–19].

Автором было показано, что каждой первой паре нуклеотидов X₁X₂ из (1) в кодонограмме рис. 1 вдоль направления X₃ практически для всех диалектов соответствует «покрытие» [8, 9] одной или двумя из 20 аминокислот или Ter (кодон остановки или условной остановки синтеза белка) в соответствии с (БЭКГ)₃ или (АЭКГ)₃. Было также показано [9, 13–19], что аминокислоты, покрывающие данную конкретную пару нуклеотидов плоскостей X₁X₂ аминокислоты со значениями X₁, X₂ ∈ (Т, С, А, G) вдоль направления X₃ сохраняют свои основные параметры гидрофобности и полярности аминокислот. Указанные параметры едины, естественно, и для (БЭКГ)₃ и (АЭКГ)₃ так как имеют единые X₁ и X₂ вдоль направления X₃. Показано,

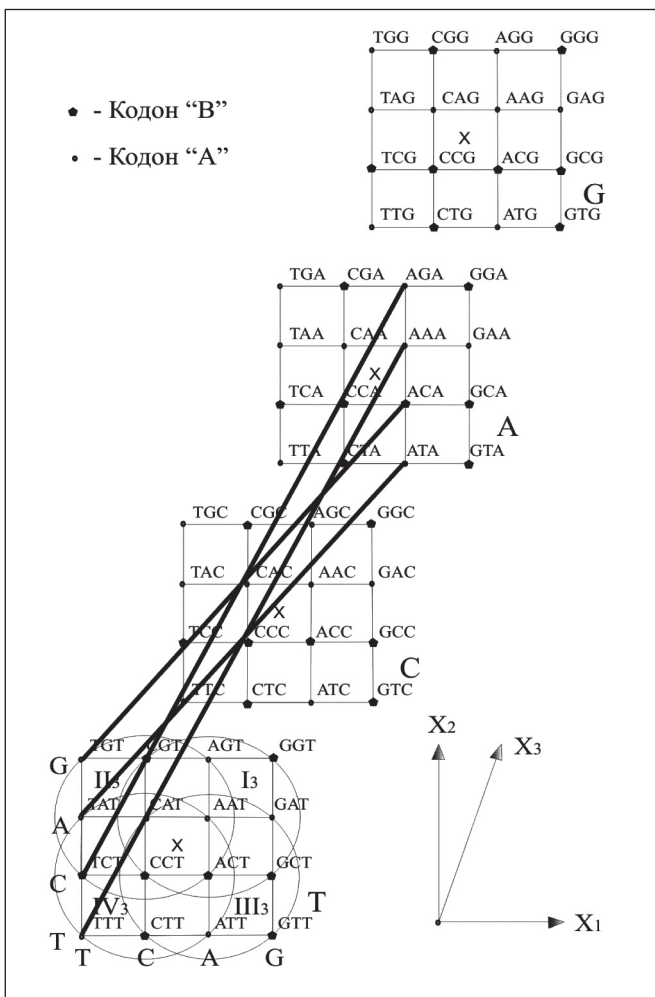


Рис. 3. Кодонограмма и взаимосвязи комплементарных (связных) кодонов ДНК.

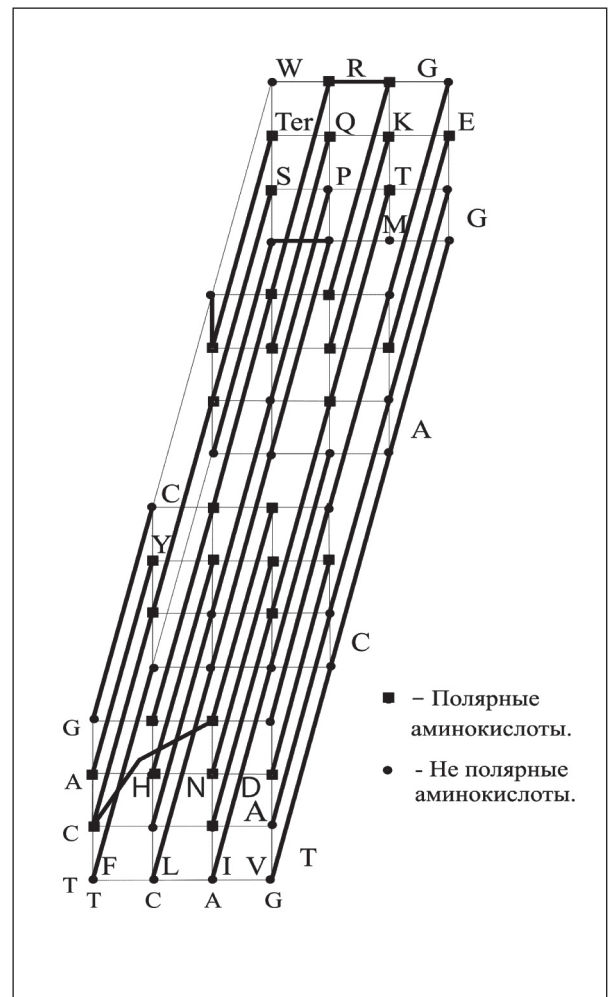


Рис. 4. Аминограмма УБК.

что для всех диалектов плоскости X_1X_2T и X_1X_2C не имеют кодонов Ter. Кодоны Ter. и Start всех диалектов лежат в плоскостях $TX_2(AVG)$ V AGX_3 и X_1TX_3 соответственно.

Для аминограмм всех семнадцати диалектов были записаны логические системы уравнений – соответствия $(ЛСУ)_R$ [8, 9]. Приведу пример $(ЛСУ)_{убк}$ для диалекта **УБК**:

$$\begin{aligned}
 UCU \vee UCC \vee UCA \vee UCG \vee AGU \vee AGC \sim S, & \quad UAA \vee UAG \vee UGA \sim \text{Ter}, & \quad UAU \vee UAC \sim Y, \\
 CGU \vee CGC \vee CGA \vee CGG \vee AGA \vee AGG \sim R, & \quad AAU \vee AUC \vee AUA \sim I, & \quad AUG \sim M, \\
 CUU \vee CUC \vee CUA \vee CUG \vee UUA \vee UUG \sim L, & \quad UUU \vee UUC \sim F, \\
 CCU \vee CCC \vee CCA \vee CCG \sim P, & \quad GAU \vee GAC \sim D, & \quad GAA \vee GAG \sim E, \\
 ACU \vee ACC \vee ACA \vee ACG \sim T, & \quad AAU \vee AAC \sim N, & \quad AAA \vee AAG \sim K, \\
 GUU \vee GUC \vee GUA \vee GUG \sim V, & \quad UGU \vee UGC \sim C, & \quad UGG \sim W, \\
 GGU \vee GGC \vee GGA \vee GGG \sim G, & \quad CAU \vee CAC \sim H, & \quad CAA \vee CAG \sim Q, \\
 GCU \vee GCC \vee GCA \vee GCG \sim A, & &
 \end{aligned}$$

(4)

где: **A ... W** – аминокислоты. Сравните $(ЛСУ)_{убк}$ (4) с аминограммой **УБК** рис. 4. Они полностью соответствуют друг другу. Подчеркнем одну особенность структуры «покрытия» кодонограммы по X_3 : в плоскостях X_1X_2T , X_1X_2C и X_1X_2A , X_1X_2G . Их $(АЭКГ)_3$ и $(БЭКГ)_3$ покрыты аминокислотами так, что при изменении V_2-3 на V_3-3 и Pi (Pu) – const, «покрывающая» аминокислота для большинства аминокислот – не меняется. Фактически структуры кодонограммы и аминограмм диалектов – это выявленные законы части грамматик синтеза генов.

кислотами так, что при изменении V_2-3 на V_3-3 и Pi (Pu) – const, «покрывающая» аминокислота для большинства аминокислот – не меняется. Фактически структуры кодонограммы и аминограмм диалектов – это выявленные законы части грамматик синтеза генов.

4. Таблица систематизации аминокислот (ТСА)

Автором построена таблица систематизации аминокислот (**ТСА**) [14–17] на базе параметров: **P, NP; GI, GH** и **GO; B, C** и **M**, табл. 2. При этом, **B, C, M** и **P, NP** приняты по [5] с переводом аминокислоты **V** из **M** в **C**. Гидрофобность–гидрофильность взята по шкале ОМН (R. Sweet and D. Eisenberg) [6] с условным выделением аминокислот **T, A, P** и **S** из **GO** в нейтральные (**GH**) и со смещением шкалы для аминокислот **P** и **A** к +0 и –0 соответственно.

Где: **A ... W** – аминокислоты, **B** – большие, **C** – средние и **M** – малые относительные размеры аминокислот; +9 ... +0, –0 ... –9 – относительная величина гидрофильности и гидрофобности; **P, NP** – полярность, не полярность аминокислот; (*) – особенность параметра аминокислоты. В табл. 2

Табл. 2. Таблица (закон) систематизации аминокислот, отобранных природой для синтеза живого.

I , C, -7, NP	L , C, -6, NP	M , C, -5, NP	V , C, -4, NP	← ГО	1Г
F , B, -9, NP	Y , B, -8, P*	W , B, -3, NP	C , M*, -2, NP	← ГО	2Г
T , M, -1, P	A , M, -0, NP	P , M, +0, NP	S , M, +1, P	← ГН	3Г
Q , C, +6, P	N , C, +7, P	D , C, +8, P	E , C, +9, P	← ГИ	4Г
R , B, +2, P	H , B, +3, P	G , M*, +4, NP*	K , B, +5, P	← ГИ	5Г
1 ↑	2 ↑	3 ↑	4 ↑	← ←	№

приняты относительные величины **ГИ**, **ГН** и **ГО**. В таблице хорошо видна связь **B:C:M** и **ГИ/ГН/ГО**, что выразилось в симметричное соотношение: **3:4:1/0:0:4/3:4:1** [14, 17].

5. Скрытые слои кодирования генов

На базе табл. 1 и реальных генов были выявлены **скрытые слои кодирования** (ССК) генов [8–11, 13–18]. Было показано, что симметрия является основой структур ССК. ССК – это те «точки» и «запятые», которые давно искались математиками, генетиками и биологами в ДНК, РНК и мРНК.

ССК генов строятся за счет избыточности покрытий (БЭКГ)₃ и (АЭКГ)₃ аминокислотами в аминокраммах и вторичного кодирования кодонограммы (табл. 1, рис. 1, 2) для мРНК и других генетических структур [8–11, 18, 19]. Для мРНК строятся слои (ССК)_i на базе X_i (i=1, 3) цепи из кодонов (1), разделенных по парам **E=(E'E'')**_i [8–11] на основе параметров Pi-i, Pu-i и V₂-i, V₃-i нуклеотидов. Строительство идет в два этапа: на первом, параметры Pi-3, Pu-3 (0 и 1) каждой пары кодонов **E₁** отождествляются по следующему правилу: 00~11~1 и 01~10~0; на втором этапе нули (0) и единицы (1) вновь делятся на тройки, то есть по 6-ть кодонов. Из троек (x2) образуются кластеры с симметричными группами относительно его центра. Для слоя (ССК)₃^{Pi-Pu}, кластеры близки по числу кодонов и расположены без перекрытия и промежутков. Между этими кластерами могут располагаться по два стандартных промежуточных кластера из 3x2 кодонов. Для слоев X₁ и X₂ пары кодонов расположены также симметрично относительно центра симметрии кластера, но кластеры в основном различны по своим размерам. Вид ССК для не кодирующих частей мРНК ДНК иной [18].

Симметрия (ССК)₃ слоя Pi-3, Pu-3 (V₂, V₃) формируется за счет изменений Pi-3 – Pu-3 (V₂ – V₃) в пределах соседних кодонов **E¹** и **E²**. Из этого обстоятельства вытекает **принципом неопределенности (ПН)** при формировании ССК для мРНК, синтезирующих белки [8–11, 18, 19]. Для X₃ ПН обеспечивается близостью или совпадением параметров аминокислот, покрывающих нуклеотиды по Pi-3, Pu-3; V₂-3–V₃-3 рис. 4. Отметим, что (ССК)₃^{Pi-Pu} является основным, синхронизирующим слоем мРНК.

Выявлено, что ряд штаммов вирусов образован за счет вариаций в (ССК)₃.

6. Надежность

Нарушение симметрии любого из трех (ССК)_{1,2,3} по параметрам Pi-Pu, V₂-V₃ и их комбинаций говорит о нарушении гена и будущего белка. Так как переменных три по два слоя плюс симметрия, то даже по принципу 2 из 3 нарушение может быть легко выявлено, исправлено, обеспечивая простым заложенным заранее способом, необходимую надежность. Если же учесть, что в ДНК спиралей две, то и число ССК – удваивается, увеличивая надежность!

7. Изменчивость генов

Изменчивость генов может происходить за счет двух факторов:

1) При формировании (ССК)₃, ПН и переходе вдоль (АЭКГ)₃ от X₁X₂(Т,С) к X₁X₂(А,Г) и наоборот с учетом диалекта [9, 18].

2) При формировании (ССК)₁ и (ССК)₂, ПН за счет изменений X₁, X₂ кодона гена и соответствующей покрывающей аминокислоты с близкими параметрами гидрофобности, полярности и размеров аминокислот [9, 13–19]

на базе табл. 1, 2 систематизации аминокислот (**ТСА**) и аминокраммы данного диалекта.

8. Таблица систематизации диалектов

На базе аминокраммы известных на сегодня 17-ти диалектов [7, 12, 17] построена табл. 3 систематизации диалектов [14, 17, 19], где: **С** – стабильные ячейки, которые соответствуют одной определенной аминокислоте для (БЭКГ)₃ или двум для (АЭКГ)₃, единых для всех диалектов; **Н** – ячейки, которые заняты разными аминокислотами в зависимости от диалекта. Выявить таблицу (закон) систематизации диалектов (**ЗСД**) стало возможным только после построения и анализа всех аминокраммы [2, 14], которые обнаружили удивительную взаимную симметрию всех диалектов живой природы. Та же табл. 3, для порядка аминокислот Т, А, С и Г, имеет вид табл. 4. В этом случае «трубки» фиг. 1 становятся «малыми» и лежат в пределах мини-матриц **I₃**, **II₃**, **III₃**, **IV₃**.

Отметим особенности табл. 4: число **С** и **Н** по 8. При этом квадрат **I₃** для всех диалектов содержит только **С** (ЭКГ)₃, квадрат **IV₃** – только **Н**, квадраты **II₃** и **III₃** – смешанные и содержат по **3Н+1С** и **3С+1Н** ЭКГ соответственно. «Серые» ячейки – это (БЭКГ)₃, светлые – (АЭКГ)₃. На сегодня табл. 3 и 4 – константы диалектов или **закон систематизации диалектов**.

Из **ЗСД** следует наличие: базовых

V, G, T, A, P, Q, D, E, R, H

и не базовых

I, L, M, F, W, C, S, N, Y, K (5)

аминокислот [17–19]. Для кодирующих частей генов, не базовые аминокислоты определяют особенности белков и диалектов. Очевидно, что при формировании ССК базовые аминокислоты сохраняются. Изменения для симметрии по X₃ идут в основном за счет не базовых аминокислот. Не должны они нарушаться и при формировании (ССК)_{1,2} в пределах плоскости X₁ и X₂.

В связи с видом кодонограммы (рис. 1, 2, 3) и аминокраммы диалектов, идентичностью этих параметров в пределах (ЭКГ)₃ в работах [9–11, 13–18] рассматриваются структурные особенности ДНК-матриц только в плоскости X₁X₂ и принципы размещения в них указанных параметров аминокислот, пересечения ДНК-матриц разных параметров по координатам однотипных ячеек. В [19] показано, что параметры нуклео-

Табл. 3. Закон систематизации диалектов живой природы Земли для последовательности нуклеотидов Т, С, А, Г.

$\Pi_3 \searrow$	$X_1 \downarrow$	$X_1 \downarrow$	$X_1 \downarrow$	$X_1 \downarrow$	$\swarrow I_3$
$X_2 \rightarrow$	Н	С	Н	С	$\leftarrow G$
$X_2 \rightarrow$	Н	С	Н	С	$\leftarrow A$
$X_2 \rightarrow$	Н	С	С	С	$\leftarrow C$
$X_2 \rightarrow$	Н	Н	Н	С	$\leftarrow T$
$IV_3 \nearrow$	T ↑	C ↑	A ↑	G ↑	$\searrow III_3$

Табл. 4. Закон систематизации диалектов живой природы Земли для последовательности нуклеотидов Т, А, С, Г.

$\Pi_3 \searrow$	$X_1 \downarrow$	$X_1 \downarrow$	$X_1 \downarrow$	$X_1 \downarrow$	$\swarrow I_3$
$X_2 \rightarrow$	Н	Н	С	С	$\leftarrow G$
$X_2 \rightarrow$	Н	С	С	С	$\leftarrow C$
$X_2 \rightarrow$	Н	Н	С	С	$\leftarrow A$
$X_2 \rightarrow$	Н	Н	Н	С	$\leftarrow T$
$IV_3 \nearrow$	T ↑	A ↑	C ↑	G ↑	$\searrow III_3$

тидов и параметры аминокислот в плоскости $X_1 X_2$ структурированы в виде мини-матриц размера 2×2 и 4×2 , лежащие в квадратах I_3, Π_3, III_3, IV_3 и парах этих квадратов.

9. 0 комплексе базовых информационных основ грамматик синтеза генов

В каждом из организмов каждого из 17 диалектов ($\sim 16 = 2^4$) [7] в геномах закодировано до 32 тысяч и более мРНК для синтеза соответствующих белков и ферментов. Все это количество генов подчиняется единым, выявленным и описанным в работах [1–7] и выявленным и описанным в работах автора [8–19] законам, а именно: математической строгостью выбора нуклеотидов и их параметров, наличием строго структурированной кодонограммы (кодонового каркаса), ее «трубок» и симметрии по параметрам нуклеотидов, наличием закона систематизации аминокислот (ЗСА) по их параметрам, наличием аминокислотных диалектов и выделенного в них направления X_3 , идентичностью параметров аминокислот (АЭКГ)₃ для всех диалектов, объяснимой мини-матричной (2×2 и 4×2) симметрией

параметров аминокислот в аминокислотных диалектах, наличием скрытых слоев кодирования (ССК) в мРНК, являющихся точками и запятыми генов и обеспечивающие многократную их защиту от возможных нарушений и случайных мутаций, наличием закона систематизации диалектов (ЗСД), объединяющего всю живую природу, структурированностью в аминокислотных кодоновых Ter. и Start, отсутствию форм кодонограмм и аминокислот в геномах, но подчиняющихся по мРНК, тРНК и другим структурам – грамматикам диалектов генов.

Вероятность одновременной мутации такого количества мРНК в геномах в большом количестве живущих, уже созданных организмов и в огромных количествах их клетках, при «пересечении» организмов каждого из диалектов столь мала, что практически это становится нереальным. Сохранение мутаций может привести только к хаосу в живой природе. В дополнение к сказанному не следует забывать, заложенные в каждом из (10–32) тысяч мРНК каждого из геномов, созданные по единым законам природы, но отличные для каждого из организмов, средств выявления и коррекции возможных ошибок, создание которых как раз и связано с необходимостью исключения влияния случайных мутаций

от излучений или воздействия «химии» окружающей среды. Все сказанное следует дополнительно умножить на закон систематизации диалектов (его нарушать нельзя). Из сказанного следует один вывод: первоначально были созданы грамматика, включающие средства кодирования, их реализации в виде белков и ферментов, реализации на их базе организмов, средств защиты и коррекции мРНК и ДНК, а затем по ним – единым законом грамматик создавались соответствующие (10–32) тысячи участков геномов по видам организмов. Наличие грамматик, построенных по строгим математическим принципам означают, что мРНК в ДНК для синтеза белков и ферментов с одной стороны жестко связаны необходимыми свойствами самих белков и ферментов в связи с их функциональным назначением, а с другой вариации мРНК ограничены жесткими математическими и структурными законами грамматик диалектов, ССК и самой двойной спиралью. Все это обеспечивает необходимую надежность мРНК и их коррекцию при сбоях, связанных с нестабильностью и воздействиями окружающей среды.

Думаю всего сказанного достаточно для доказательства искусственного происхождения живой природы Земли. Удивительно, как природе в матрицах $4 \times 4 \times 4$ и 5×5 удалось сконцентрировать столько информационных возможностей.

Если отдельные ученые на сегодня еще имеют другую точку зрения, приглашаю их к дискуссии, хотя и считаю ее бессмысленной. И в этой части природы давно следует отойти от понятий, что «Земля держится на семи слонах», женщина создана из ребра мужчины а жизнь создалась на базе случайных мутаций.

Выводы

В цикле работ автора показано существование математической, информационной и структурной строгости грамматик на базе кодонограммы, аминокислотных диалектов, биохимических, физико-химических связей и других законов принятых Природой, для создания жизни на Земле.

Из цикла рассматриваемых работ очевидно, что все уже известные и показанные в работах автора информационные закономерности живой природы столь математически едины

и структурированы, что должны были быть созданы до ее появления на Земле. Ведь они едины для всей живой природы, ее РНК, ДНК, белков, ферментов и организмов в целом. Никакие случайные процессы не могут привести к рассмотренным информационным результатам, ведь рассмотренные закономерности не записаны в структурах РНК, ДНК и геномах. Они лежат вне их (как грамматики русского, английского других языков сформулированы в учебниках и справочниках и не воспроизводятся в конкретных текстах), стоят над ними, они руководят и контролируют процессы создания живого, тщательно оберегая их от случайностей.

Из сказанного и высочайшей защиты генов от всевозможных повреждений от внешних воздействий окружающей среды следует, что мутации и случайность не могли привести к столь строгим структурным образованиям — грамматикам, вне геномов. Выявленные при выполнении работ законы — наилучшее подтверждение перспективности данного проводимого направления.

Исследования должны позволить создать: новые методы лечения; синтезировать новые и полезные организмы; продукты питания; принципы и технологии для создания перспективных роботов на биологической и других основах, дать новые направления развития на уровне нано.

Очевидно, что понять основы строения живой и не живой природы для человека крайне важно. На сегодня человек достаточно развит, накопил множество фактов для того, чтобы из них получать новые, более точные сведения о живой Природе на Земле, отойти от «алхимии».

Ниже, в разделе «литература» даны отдельные доклады автора на международных конференциях и конгрессах скан-копии которых могут быть запрошены по интернету автора.

Литература

- Watson J. D., Crick F. H. A structure for deoxyribose nucleic acid. *Nature*, 1953, Vol. 171, P. 737–738.
- Watson J. D., Crick F. H. General implication of the structure of deoxyribose nucleic acid. *Nature*, Vol. 171. 1953. P. 964–967.
- Wittman Y. G. *Ansätze zur Entschlüsselung des genetischen Codes*. Перевод Виттман. Сборник Молекулярная генетика. Москва, Иностранная Литература, 1963.
- Ичас М. Биологический код. Москва, Мир, 1971.
- Ратнер В. Генетический код как система. Соросовский образовательный журнал. Т. 6, № 3. 2000. С. 27–30.
- Sweet, R. and Eisenberg, D. Correlation of sequence hydrophobic ties measures similarity in three-dimensional protein structure. *J. Mol. Biol.* Vol. 171. 1983. P. 479–488.
- Сайт: The National Center for Biotechnology Information. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Utils/wprintgc.cgi?mode=c>
- Eingorin M. Bases of coding and management in molecular biology. International Conference «Modeling problems of radiobiology, radioecology and evolution». Dedicated to centenary of N. W. Timofeeff-Ressovsky, Abstracts, September 6–9 2000, P. 62.
- Эйнгорин М. Основы кодирования и управления в молекулярной биологии. Издательство НГМА, ISBN № 5 – 7032 – 0390- 02. 2001. 120 страниц.
- Эйнгорин М. <http://www.uic.nnov.ru/~emy/biology.html> Январь 2001.
- Эйнгорин М. <http://www.uic.nnov.ru/~emy/zakon.html> Февраль 2001.
- Эйнгорин М., Баранова А. Кодонограммы диалектов. http://www.uic.nnov.ru/~emy/codo_ru.html Февраль 2002.
- Эйнгорин М. Я. Кодирование генетических текстов клеток. Шестая Всероссийская конференция «Биомеханика-2002», 20–24 мая 2002. С. 89–90; К основам грамматики кодирования генов, Седьмая Всероссийская конференция «Биомеханика-2004», 24–28 мая 2004. г. Н. Новгород.
- Эйнгорин М. Я. Кодирование гена и генная инженерия. (14–18 октября 2002); Кодирование гена и генная инженерия-2. (10–14 ноября 2003); Таблица систематизации аминокислот молекулярной биологии и аминокислот. Таблица № 1 повторена <http://www/rosbiotechworld.ru/app/dop.pdf> (14–18 марта 2005); К грамматике диалектов генетических кодов. (12–16 марта 2007). Первый–четвертый международные конгрессы: «Биотехнология – состояние и перспективы развития», раздел: Фундаментальные исследования. Сборники тезисов докладов. Москва.
- Eingorin M. Y. Grammar of coding of genetic texts. Sixth ISTC Scientific Advisory committee Seminar, «Science and computing». Proceedings. Vol. 1, Moscow, Russia, September 15–17. 2003. P. 173–178.
- Эйнгорин М. Я. Модель основ грамматики кодирования генов. Вестник Нижегородского университета им. Н. И. Лобачевского. Серия: Математическое моделирование и оптимальное управление. Выпуск 1 (27) 2004. С. 269–288.
- Эйнгорин М. Я. К моделям диалектов грамматики кодирования генов. Вестник Нижегородского университета им. Н. И. Лобачевского. Серия: «Математическое моделирование и оптимальное управление». Выпуск 1 (28) 2005. С. 232–242.
- Эйнгорин М. Я. К грамматике кодирования скрытых слоев генов. Вестник Нижегородского университета им. Н. И. Лобачевского. Серия: Математическое моделирование и оптимальное управление. Выпуск 1 (30) 2006 г. С. 128–141.
- Эйнгорин М. Я. Матрицы и симметрия в структурах грамматик и генов. Вестник Нижегородского университета им. Н. И. Лобачевского, № 5. 2009 г. С. 168–183. http://www.unn.ru/pages/e-library/vestnik/99999999_2009_5/28.pdf
- Эйнгорин М. Я. Селективные многомерные нелинейные пространства, 16-я международная конференция: «Математика, компьютер, образование». Сборник тезисов докладов. Часть 1, С. 42, Пушкино 19–24 января 2009 г.
- Эйнгорин М. Я. Многозначные комбинаторные логики, 17 Международная конференция: «Математика, Компьютер, Образование». Дубна, Россия, изд. РХД, Москва–Ижевск. (25–30 января 2010). С. 55.
- Эйнгорин М. Я. К проблеме синтеза самовоспроизводящихся роботов. Международное совещание «Робототехника, взгляд в будущее», Госкомитет по науке и технике России. Санкт-Петербург. (10–11 марта) 2010 г.
- Эйнгорин М. Я. Дискретное моделирование как метод развития научно-технических систем. Международная конференция: «Нелинейная динамика в когнитивных исследованиях». Труды конференции. Н. Новгород. 2011 г.

Matrixes and symmetry in structures grammars and genes

M. Ya. Eingorin

Scientifically-research & skilled-design enterprise «SKIT» (The Union of cybernetics and technologists) Nizhny Novgorod, Russian

Abstract

Work continues a series of researches of structures grammars coding of genes. In work it is made attempt to show existence of mathematical, information and structural severity grammars on base kodonogram, aminograms dialects, biochemical, physical and chemical bases. The wildlife, speaking about primacy of bases and grammar, secondariness and unity of genes of all live.

Key words: nucleotide, codon, codonogram, hydrogen communications of DNA, purine-pyrimidine DNA communications, RNA, a dialect, grammar of dialects, amino acid, water repellency, the law of amino acids ordering of wildlife, base

amino acids, not base amino acids, amino-grams of dialects, the law of ordering of dialects.

До інформаційних технологій живої природи

М. Я. Ейнгорін

*Науково-дослідницьке та досвідно-конструкторське підприємство «СКІТ»
(Союз кібернетиків і технологів)
Нижній Новгород, Росія*

Резюме

Робота продовжує серію інформаційних досліджень закономірностей у структурах грамастик кодування ге-

нів. У роботі показано існування математичної, інформаційної та структурної строгості грамастик на базі кодонограмми, амінограмм діалектів, біохімічних і фізико-хімічних основ живої природи, що говорять про первинність основ і грамастик, вторинності і єдності генів живого.

Ключові слова: нуклеотид, кодон, кодонограма, водневі зв'язки ДНК, пурин-піримідинові зв'язки ДНК, РНК, діалект, граматики діалектів, амінокислота, гідрофобність, гідрофільність, закон систематизації амінокислот живої природи, базові амінокислоти, не базові амінокислоти, амінограми діалектів, закон систематизації діалектів.

Переписка

М. Я. Эйнгорин

Научно-исследовательское и опытно-конструкторское предприятие «СКИТ»
(Союз кибернетиков и технологгов)
а/я 35, Нижний Новгород
603136, Россия
тел.: (831) 467 00 08
эл. почта: skit@vmk.unn.ru