

К ВЫЯВЛЕНИЮ ПРИНЦИПА ПОСТРОЕНИЯ ПЕРВИЧНОЙ СТРУКТУРЫ БЕЛКА

IV СИСТЕМАТИЗАЦИЯ СООТНОШЕНИИ КОДОНОВ АМИНОКИСЛОТ И ПРОСТЫХ ЧИСЕЛ ОПРЕДЕЛЕНИЕ И РАСПРЕДЕЛЕНИЕ ПРОСТЫХ ЧИСЕЛ ВО МНОЖЕСТВЕ НАТУРАЛЬНЫХ ЧИСЕЛ*

Г. А. ГЕВОРКЯН

Институт биологии МН АрмССР, Ереван

На основе суммарной электронной плотности кодирующих оснований систематизированы кодоны аминокислот в спирали Архимеда. Выявлена закономерность соотношений между ними и распределением простых чисел во множестве натуральных чисел. Выдвигается тезис об осуществлении ген-аппаратного синтеза специализированных пептидов с общибиологическим и иммуноактивным назначением. Предсказано существование еще одной генетически кодируемой аминокислоты.

Համարված էր գումարային էլեկտրոնային խտության դասակարգվել են ամինաթթուների կոդոնները Արքիմեդի ուղղանկյուն մեջ բացահայտվել է երանց և բնական թվերի բազմություն մեջ պարզ թվերի բաշխման անընթաց օրինաչափությունը: Դրույթ է առաջադրվել ընդհանուր կենսաբանական և իմունաակտիվ նշանակություն ունեցող մասնագրտացված պեպտիդների սինթեզի իրականացնելու մասին: Անհրաժեշտ է Լ-տանդ-կանթրոն կոդավորվող ևս մեկ ամինաթթվի գոյությունը:

According to the parameter of summary electronic density of coding bases all the codones of amino acids have been systemized in Archimed's spiral. It has been revealed the regularity of correlation between them and division of simple numbers in the multiplicity of natural numbers. An idea has been put forward about the realization of gene-apparatus synthesis of specialized peptides with general-biological and immune-active significance. It is predicted the existence of one more genetically coding amino acid.

Структура белка—систематизация простых чисел—пептидная специализация.

Ранее [2—4] нами была представлена новая система классификации природных аминокислот в спирали Архимеда. Основой для этой классификации служил примененный впервые нами параметр СЭП—биомо-

Сокращения: ХАЧ—характерное аминокислотное чередование СЭП—суммарная электронная плотность.

* 1, II и III сообщения опубликованы в № 3 (38), 1985, № 11 (40), 1987, и № 7 (41), 1988, «Биолог. ж. Армении».

лекулу, соответствующий второму уровню рассмотрения периодической организации строения вещества [6] и тем самым являющийся обобщающим критерием оценки разрозненных физико-химических, квантово-биохимических, рентгено-структурных и других данных.

Так как сегодняшний уровень развития науки не позволяет переходить от рассмотрения строения вещества (первые и вторые уровни) к исследованию строения атомного ядра (третий уровень) [6], то параметр СЭП таит в себе возможность оценки адекватной биологической организации, которая уже требует единообразного рассмотрения физико-химических, структурных и системных основ клеточных процессов.

Свидетельством такой возможности служат результаты наших исследований, показывающих, что семейственно-индивидуальной классификации поддаются как аминокислоты, жирные кислоты, сахарады, так и кодирующие основания, т. е. все функциональные единицы пяти основных компонентов клетки (ДНК, РНК, белков, липидов, полисахаридов).

Целью предприятия новытка систематизации кодонов аминокислот в ДНК, в основе которой также берется параметр СЭП. Согласно расчетам, в свободном состоянии цитозин (Ц) и тимин (Т) имеют 58 и 66 электронов, а аденин (А) и гуанин (Г) 70 и 78 электронов соответственно. Так как в ДНК эти основания, соединяясь с сахаром, теряют электрон, то реальное количество их в функционирующих триплетях будет составлять 57, 65, 69 и 77.

Необходимость рассмотрения именно кодонов ДНК продиктована тем, что в РНК тимин заменяется на урацил с количеством электронов, равным количеству электронов цитозина, что пока создает неопределенность в различительной оценке триплетов. Рассмотрение проводили по схеме ХАЧ [4], т. е. по парам аминокислот, образующих между собой комплементарно-поляризованное противостояние (с вышеотмеченным переводом оснований с языка РНК на язык ДНК).

Из табл. видно, что многие СЭП являются простыми числами, а все суммы СЭП парных аминокислот образуют одно и то же простоянное число 402, что является подтверждением факта комплементарности кодирующих триплетов. Именно это постоянное число и определяет распределение СЭП кодонов аминокислот в спирали Архимеда.

Запишем натуральные числа в спирали Архимеда в местах пересечения ее витков с радиальными лучами, исходящими из вершин звезды Давида, помещенной в ее центре (рис. 1). На радиальных лучах двух вершин одного треугольника выступают простые числа, и они образуют две группы, которые начинаются с чисел 5 и 7. Продолжением аналогичной схемы до больших чисел можно получить и идентифицировать все суммы СЭП кодонов аминокислот, а также выявить картину их систематизации (рис. 2).

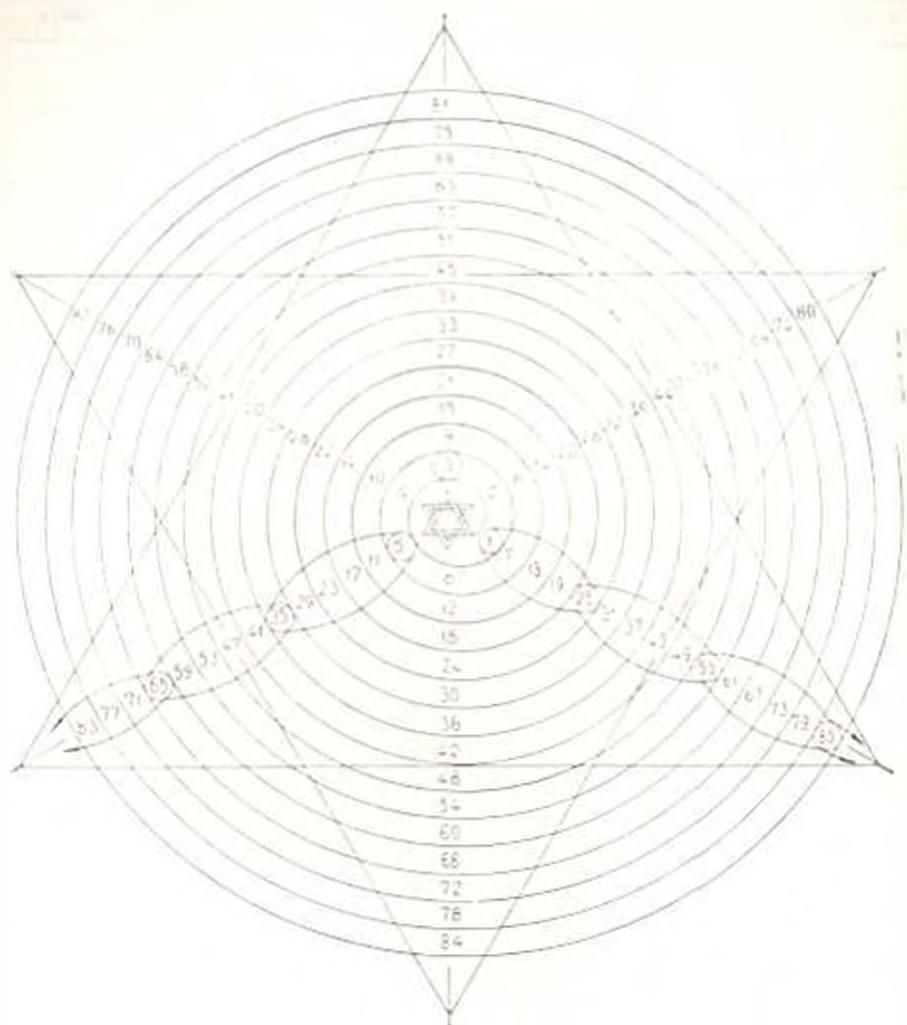
Рис. 1 и 2 наглядно демонстрируют связь между распределением простых чисел и СЭП кодонов аминокислот в спирали Архимеда. Так как простые числа нерасщепляемы [1], а рибосомальный синтез пептида имеет начало и конец, мы считаем, что существует закономерная

СЭП кодоное аминокислот в ДНК*

Аминокислота	Кодон	СЭП	Разница СЭП	Сумма СЭП	СЭП	Кодон	Аминокислота
Гли	ЦЦЦ	171	60	402	231	ГГГ	Про
	ЦЦТ	179	44	402	223	ГГА	
	ЦСА	183	36	402	219	ГГТ	
	ЦЦГ	191	20	402	211	ГГЦ	
Ала	ЦГЦ	191	20	402	211	ГЦГ	Арг
	ЦГТ	199	4	402	203	ГЦА	
	ЦГА	203	4	402	199	ГЦТ	
	ЦГГ	211	20	402	191	ГЦЦ	
Сер	АГА	215	28	402	187	ТЦТ	
	АГГ	223	44	402	179	ТЦЦ	
	АГЦ	203	4	402	199	ТЦГ	Сер
	АГТ	211	20	402	191	ТЦА	
Тре	ТГЦ	199	4	402	203	АЦГ	Цис
	ТГТ	207	12	402	195	АЦА	
	ТГА	211	20	402	191	АЦТ	
	ТГГ	219	36	402	183	АЦЦ	
Вал	ЦАЦ	183	36	402	219	ГТГ	Гис
	ЦАТ	191	20	402	211	ГТА	
	ЦАА	195	12	402	207	ГТТ	
	ЦАГ	203	4	402	199	ГТЦ	
Лей	ГАЦ	203	4	402	199	ЦТГ	Асп
	ГАТ	211	20	402	191	ЦТА	
	ГАА	215	26	402	187	ЦТТ	
	ГАГ	223	44	402	179	ЦТЦ	
	ААЦ	195	12	402	207	ТТГ	Асп
	ААТ	203	4	402	199	ТТА	
Иле	ТАА	203	4	402	199	АТТ	Охро
	ТАГ	211	20	402	191	АТЦ	
	ТАТ	199	4	402	203	АТА	
Мет	ТАЦ	191	20	402	211	АТГ	
Лиз	ТТЦ	187	28	402	215	ААГ	Фен
	ТТТ	195	12	402	207	ААА	

* Образующие между собой комплементарно-поляризованное протннжтвное пары аминокислот расположены фронтально слева и справа таблицы.

связь между простыми числами и специализацией рибосомальных пептидов до сплайсинга.



Отмечаем, что 24 кодона подчиняются формуле (1) при $n=30, 32, 34, 36$; 24—формуле (2) при $n=31, 33, 35, 37$, а остальные 16 кодонов соответствуют формуле: $N_3=6n+3-3(2n-1)$ (3) при $n=28, 30, 32, 34, 36, 38$.

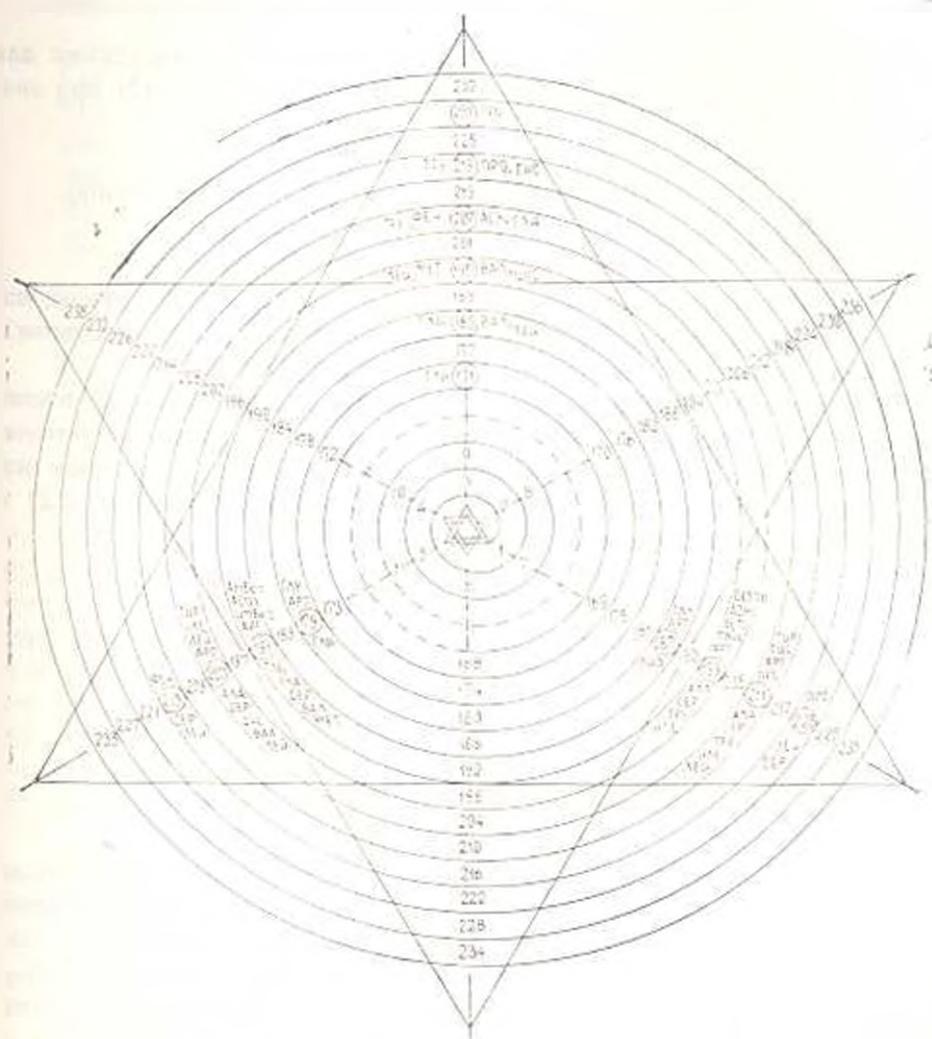


Рис. 2 Схема систематизации кодонов аминокислот по параметру СЭП в спирали Архимеда. Числа, соответствующие СЭП кодовам аминокислот, взяты в кружки. В рядом записаны соответствующие аминокислоты. В центре—звезда Давида.

Простые числа (рис. 1 и 2) через равные интервалы заключены между числами, кратными пяти, и среди них находятся такие составные (не простые) числа, которые являются произведениями от умножения предшествующих простых чисел. Эти составные числа выявляются алгоритмом, который для общего случая описывается следующими тремя формулами:

$$N_4 = (6n - 1)^2 \quad (4)$$

$$N_5 = (6n + 1)^2 \quad (5)$$

$$N_6 = (6n - 1)(6n + 1) \quad (6), \quad \text{где } n = 1, 2, 3, \dots$$

Остальные смежные составные числа легко обнаруживаются следующими модификациями формулы (6):

$$N_6 = (6n - 1)(6n + 1) \quad (6a) \quad \text{и} \quad N_6 = (6n - 1)(6n + 1) \quad (6б)$$

$$n = \text{const} \quad n \rightarrow \infty \qquad \qquad \qquad n \rightarrow \infty \quad n = \text{const}.$$

Кратные пяти числа (взятые в кружки и соединенные мостиками для наглядности закономерности) задаются формулами (1) и (2) при значениях (рис. 1):

$$n = 5m + 1 \quad (1a) \quad \text{и} \quad n = 5m - 1 \quad (2a) \quad \text{соответственно,}$$

где $m = 1, 2, 3, \dots, \infty$.

Как было отмечено выше, простые числа образуют две группы, находясь на двух радиальных лучах (рис. 1 и 2) одного треугольника, вершинами которого являются простые числа 3, 5 и 7.

Возникает закономерный вопрос: все ли простые числа (за исключением 2) заключены в этих двух группах (рядах)? Для математического доказательства этого принципиального положения запишем натуральные числа с шестичленными циклами (согласно рис. 1 и 2) и приведем формулы для шести столбцов:

$6n + 1$	$6n + 2 =$	$6n + 3 =$	$6n + 4 =$	$6n + 5$	$6n + 6 =$
	$= 2(3n + 1)$	$= 3(2n + 1)$	$= 2(3n + 2)$		$= 6(n + 1)$
1	2	3	4	5	6
7	8	9	10	11	12
13	14	15	16	17	18
19	20	21	22	23	24

И так далее.

Нетрудно заметить, что только формулы 1-го и 5-го столбцов не подвергаются разложению на множители и тем самым удовлетворяют условию неделимости или нерасщепляемости простых чисел [1]. Следовательно, остальные столбцы (2, 3, 4 и 6) содержат только и только составные (не простые) числа. А составные числа в ряду простых чисел легко выявляются вышеуказанным алгоритмом (формулы (4), (5) и (6) с модификациями). Формула 5-го столбца $6n + 5$ легко преобразуется в формулу (1) с одношаговым сдвигом n .

Для наглядности сказанного приводим рис. 3, на котором показано распределение простых чисел (в двух рядах) во множестве натуральных и одновременно выявляются корреляции между двумя рядами.

Нетрудно убедиться, что любые простые числа описываются формулами (1) и (2). Объединив формулы (1) и (2), можно дать обобщенную формулу определения простых чисел (произвольной величины): $N = 6n \pm 1$ (7).

где $n = 1, 2, 3, \dots, \infty$ с алгоритмическими исключениями формул (4), (5) и (6) с модификациями (6a) и (6б). Более подробное изложение не входит в задачу настоящей работы.

Приведем также эмпирические формулы систематизированных ранее [2, 4] аминокислот по параметру СЭП.

Для группы глицина:

$$N_p = 8n \quad (8) \quad \text{и}$$

Для группы пролина:

$$N_p = 8n - 2 = 2(4n - 1) \quad (9)$$

Гли	$n = 5$
Ала	$n = 6$
Сер	$n = 7$
Тре, Вал, Цис	$n = 8$
Лей, Иле	$n = 9$
Лиз, Мет	$n = 10$
Фен	$n = 11$
Тир	$n = 12$

Про	$n = 8$
Асп, Асн	$n = 9$
Глу, Гли	$n = 10$
Арг	$n = 12$

Гистидин описывается формулой $N_p = 8n + 2 = 2(4n + 1)$ при $n = 10$ (10).
Триптофан—формулой $N_p = 8n + 4 = 4(2n + 1)$ при $n = 13$ (11).

Таким образом, расширение сферы применения параметра СЭП биомолекул приводит не только к объяснению экспериментально установленных фактов, но и к предсказанию результатов исследований как в области биологии, так и других научных дисциплин [1, 7].

Проведенная систематизация кодонов аминокислот и простых чисел вслед за систематизацией самих аминокислот [2, 4], со всеми вытекающими отсюда последствиями для математики, физики и вычислительной техники, может привести к осуществлению не просто химического, а ген-аппаратного синтеза искомым полипептидов, в том числе и активных центров полипериодически организованных антител против дробно индуцирующих антигенных детерминантов вирусов системно. Это важно для теоретической биологии и, возможно, актуально в борьбе со СПИД, хотя существует и другой подход [5] к этой проблеме.

По схеме ХАЧ [2, 4], как это и очевидно, можно предсказать существование еще одной генетически кодируемой аминокислоты в группе пролина, между Глу и Арг, с СЭП 86 и радикалом—47, кодоном которой является один из шести кодонов лейцина с СЭП 203 (табл. и рис. 2), ибо из всех аминокислот только у лейцина СЭП кодона повторяется дважды в одной и той же ячейке.

Известно, что в митохондриальной ДНК человека четыре кодона универсального кода—УГА, АГА, АГА и АГГ (в ДНК—АЦТ, ТАТ, ТЦТ и ТЦЦ)—меняют свой смысл и аминокислотный адрес, а в ДНК дрожжевых митохондрий четыре лейциновых кодона—ЦУУ, ЦУЦ, ЦУА и ЦУГ (в ДНК—ГАА, ГАГ, ГАТ и ГАЦ) переходят к треонину, ставя под сомнение абсолютную универсальность и однозначную идентификацию генетического кода и подтверждая существование двух разных систем кодирования внутри даже одной клетки.

По табл. и рис. 2 нетрудно определить, что кодон этой предсказуемой аминокислоты может соответствовать кодону ААТ (в РНК—УУА) или кодону ГАЦ (в РНК—ЦУГ) лейцина. Предварительно назовем ее Арц (Арцах). И если эта аминокислота действительно существует, то почему до сих пор она не обнаружена? Мы допускаем, что это свя-

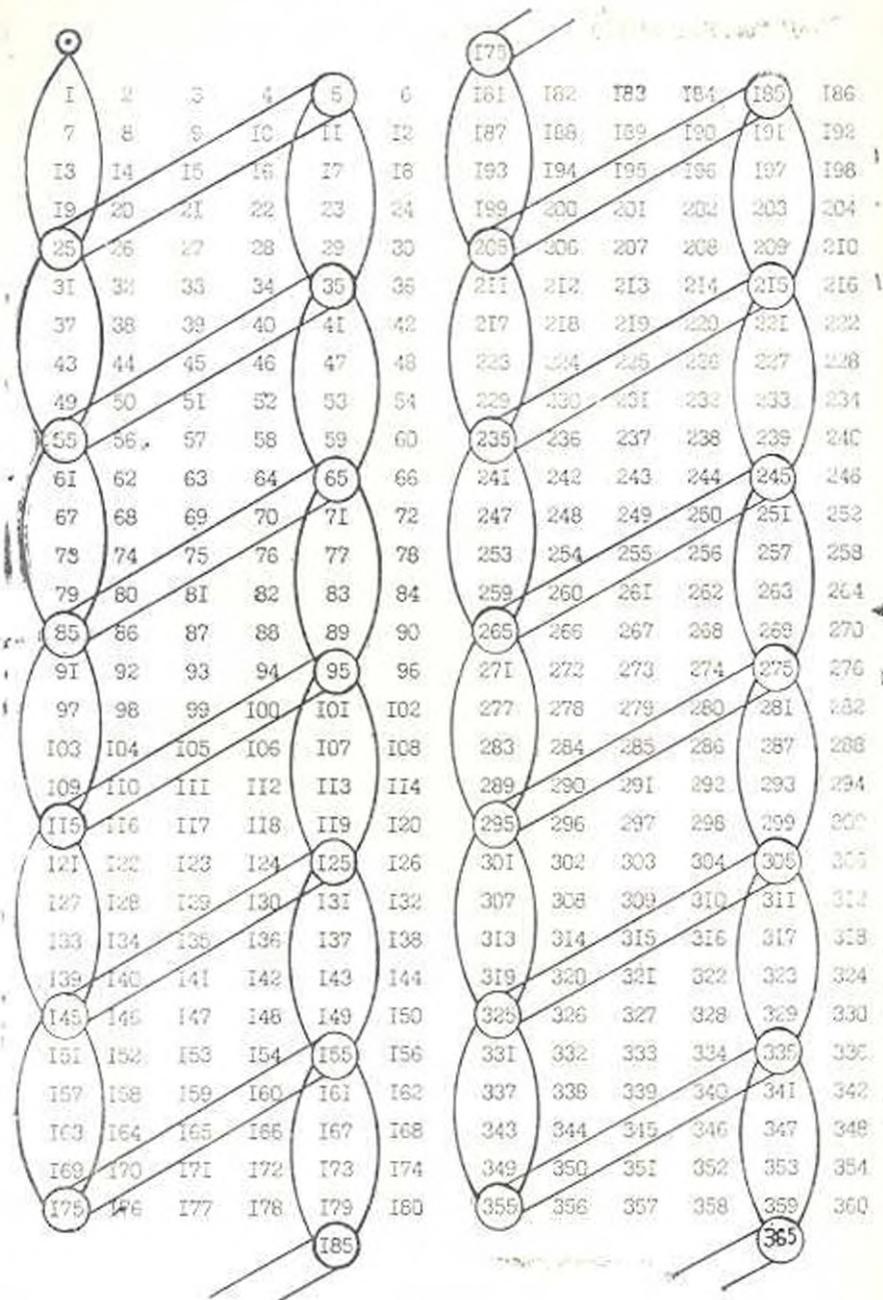
$6n+1$ $6n-1$ 

Рис. 3. Закономерность распределения простых чисел во множестве натуральных чисел. Кратные пяти числа, между которыми выступают простые числа взяты в кружки и соединены мостиками для наглядности закономерности. Прямыми линиями между собой соединены также эти умалые числа для демонстрации корреляции и распределения двух рядов: или переходы как в рядах, так и между ними осуществлены кратными пяти числами.

зано с отмеченной Хиллманом неопределенностью биохимических методов определения структур. Допустим ее структурную трансформацию в другую аминокислоту, мы предполагаем, что ей принадлежит некая важная функциональная роль в организации биологических процессов, как в случае превращения тимина в урацил.

Факты варьирования кодонов аминокислот и результаты проведенных исследований диктуют необходимость вести целосистемный поиск действительных принципов и механизмов кодирования, исходя из реального параметра (СЭП) количественной оценки химико-биологической информации, строения биомолекул фенотипа и кодирующих оснований генотипа, взаимодействие и связь между которыми формирует и реализует все виды биологической памяти, лежащие в основе процесса восприятия, анализа, синтеза и резонансной модуляции, индукции и дедукции воли мысли.

ЛИТЕРАТУРА

1. Виноградов И. М. Основы теории чисел. М., 1972.
2. Геворкян Г. А. Биолог. ж. Армении, 28, 3, 216, 1985.
3. Геворкян Г. А. Биолог. ж. Армении, 10, 11, 958, 1987.
4. Геворкян Г. А. Биолог. ж. Армении, 11, 7, 613, 1988.
5. Давидян Д. Б. Биолог. ж. Армении, 11, 8, 710, 1988 (Деп. в ВИНИТИ, № 6958-Б88 от 31.X.1988 г.)
6. Кедров Б. М., Трифонов Л. П. О современных проблемах периодической системы. М., 1974.
7. Шамаков В. Великие Арканы Таро. М., 1916.

Поступило 10.III 1989 г.

Биолог. ж. Армении, № 6 (42), 1989

УДК 577.1

СТРУКТУРНО-ФУНКЦИОНАЛЬНОЕ ИЗМЕНЕНИЕ ХРОМАТИНА КАК ФАКТОР, ПОВЫШАЮЩИЙ ЧАСТОТУ ТРАНСФОРМАЦИИ КЛЕТОК HeLa Ca-ДНК pSV2neo

Р. А. ЗАХАРЯН

Институт экспериментальной биологии АН АрмССР, Ереван

Показано, что обработка Na-бутиратом, ДМСО, ди-РНК, дб-цАМФ повышает частоту трансформации клеток HeLa Ca-принципием ДНК pSV2 neo. У всех изученных стабильных трансформантов ген neo интегрирован в ДНК хроматина и сцеплен с фрагментами ДНК, относящимися к повторяющимся последовательностям генома. Указанные стимуляторы ДНК-опосредованной трансформации клеток HeLa значительно повышали в ядре активность Ca/Mg-зависимой эндонуклеазы и долю хроматина, чувствительной к ДНКазе; деконденсированные участки хроматина были обогащены повторяющимися последовательностями генома.

Сокращения: ДМСО—диметилсульфат, дб-цАМФ—дibuтирил-п-амф, ди-РНК—двунивая РНК.