

К ВЫЯВЛЕНИЮ ПРИНЦИПА ПОСТРОЕНИЯ
ПЕРВИЧНОЙ СТРУКТУРЫ БЕЛКА

ВОЗВРАТНО-КОМПЛЕМЕНТАРНОЕ ВЗАМОДЕЙСТВИЕ КОДОНОВ В ДНК
КАК ОСНОВА МОЛЕКУЛЯРНЫХ КОМПОЗИЦИЙ АМИНОКИСЛОТ

Г. А. ГЕВОРКЯН

Институт биохимии НАН РА, Ереван

Сравнительным анализом показана непосредственная связь между полярностью аминокислот и средним основным кодирующим их триплетом.

Наличие пуринового (аденин гуанин) основания в центре триплета является признаком того, что кодируемая аминокислота обязательно является полярной.

Постоящая закономерность позволила:

- 1) уточнить число кодонов, приписываемых серину;
- 2) уточнить кодоны предсказанной аминокислоты (Arc);
- 3) дифференцировать поле кодон-зависимости аминокислот;
- 4) составить молекулярные композиции аминокислот;
- 5) установить логическую связь между основными биополимерами клетки.

Систематизация биомолекула—возвратно-комплементарное взаимодействие—кодон-зависимость—молекулярные композиции аминокислот.

Համեմատական անալիզով ցույց է տրվել ավինախթթուների բևեռականության և նրանց կոդավորող տրիպլետների կենտրոնական հիմքի միջև եղած ուղղակի կապը:

Տրիպլետի կենտրոնում պուրինային (ադենին, գուանին) հիմքի առկայությունն հայտանիշ է այն բանի, որ կոդավորվող ամինաթթուին անպայման բևեռային է, Այս օրինակաբանությունը հետազոտվել է համապատասխան տվեց:

- 1) ճշգրտում մտցնել անրինին վերագրվող հասցեների քանակի մեջ,
- 2) ճշտել մեր կողմից կանխատեսված ամինաթթվի (Arc) հասցեները,
- 3) տարբերակել ամինաթթուների կողմ-կախվածության դաշտը,
- 4) կազմել ամինաթթուների մոլեկուլար կոմպոզիցիաները,
- 5) տրամաբանական կապ հաստատել բջի հիմնական բիոպոլիմերների միջև:

By comparative analysis it is shown the immediate bond between amino acids polarity and average basis of their triplets coding.

The existence of purine (adenine, guanine) basis in the center of the triplet is a regularity peculiar to the coded amino acid being of p-harilty.

The present regularity let us:

1. to make clear the number of codons prescribed to serine;
2. to make clear the codons of the amino acid (Arc) predicted by us;
3. to differentiate the field of codon-dependent amino acids;
4. to create molecular compositions of amino acids;
5. to determine the logical bond between the main biopolymers of the cell.

Ранее [1—4] были систематизированы генетически кодируемые аминокислоты, кодирующие их триплеты, жирные кислоты и моносахариды, т. е. все функциональные единицы основных биополимерных компонентов клетки (ДНК, РНК, белки, липиды, полисахариды).

Прямым результатом систематизации биомолекул явились три замечательных следствия:

1) выявление молекулярного механизма парного узнавания и взаимодействия аминокислот;

2) предсказание существования 21-й генетически кодируемой аминокислоты (Ари);

3) совпадение систематизации кодонов аминокислот с закономерностью распределения простых чисел во множестве натуральных.

В настоящей работе представлены результаты по поиску доказательств реального существования предсказанной аминокислоты, что затрагивает физико-химические основы кодирования в биологии.

Проводился сопоставительный анализ между строением кодонов аминокислот и их полярностью. Выяснилось, что полярность аминокислот определяет среднее пуриновое (аденин, гуанин) основание кодирующего триплета (рис. 1). Для облегчения дальнейшего изложения кодоны названы именем среднего основания триплета.

Рис. 1 содержит 16 полярных А-кодонов (столбик 3), 16 полярных Г-кодонов (ст. 4), 16 неполярных У-кодонов (ст. 1) и 16 смешанных Ц-кодонов (ст. 2). Это явление названо кодон-зависимостью.

Среди 64 кодонов универсального генетического кода по 6 адресов имеют лейцин, аргинин и серин. Все 6 адресов лейцина находятся среди 16 неполярных У-кодонов (рис. 1, ст. 1) и аргинина—среди 16 полярных Г-кодонов (рис. 1, ст. 4), но 4 адреса серина находятся среди 16 смешанных Ц-кодонов (рис. 1, ст. 2), а 2 адреса—среди 16 полярных Г-кодонов (рис. 1, ст. 4), что вызывает явное недоумение. Кодоны всех аминокислот, за исключением сериновых, принадлежат одной из 16 кодоновых областей (рис. 1 и 2) и нет никакого основания и смысла рассматривать неподчинение серина общему правилу как исключение.

Ранее мы отмечали важность существования двух кодонзависимых серинов [2, 3], но из-за отсутствия ныне принятой закономерности строения кодонов, феномен объяснили по-другому.

Стало возможным уточнить и утверждать, что предсказанная аминокислота (Ари) кодируется двумя полярными Г-кодонами (АГУ, АГЦ), приписываемыми серину. В противном случае серин и ариц на рис. 3 поменяются местами (в, г).

А может быть под полярностью аминокислот (биомолекул) сейчас понимается совсем не то, о чем говорят выявленная кодон-зависимость, или сама полярность определяется не по основному физическому признаку?

На карте метаболических путей Малагина [5] оставлена одна пустая клетка (в позиции IIIД) для неизвестной еще генетически кодируемой аминокислоты, которой не хватает в ряду структурных аналогов исходных соединений. По мнению автора, этой аминокислоте соответствует α -аминоадипиновая кислота, которая присутствует в злаках кукурузы и пшеницы. На самом деле, параметры предсказанной аминокислоты (с СЭП 86 и радикалом—47) совпадают с тако-

1) U-зависимые 2) C-зависимые 3) A-зависимые 4) G-зависимые

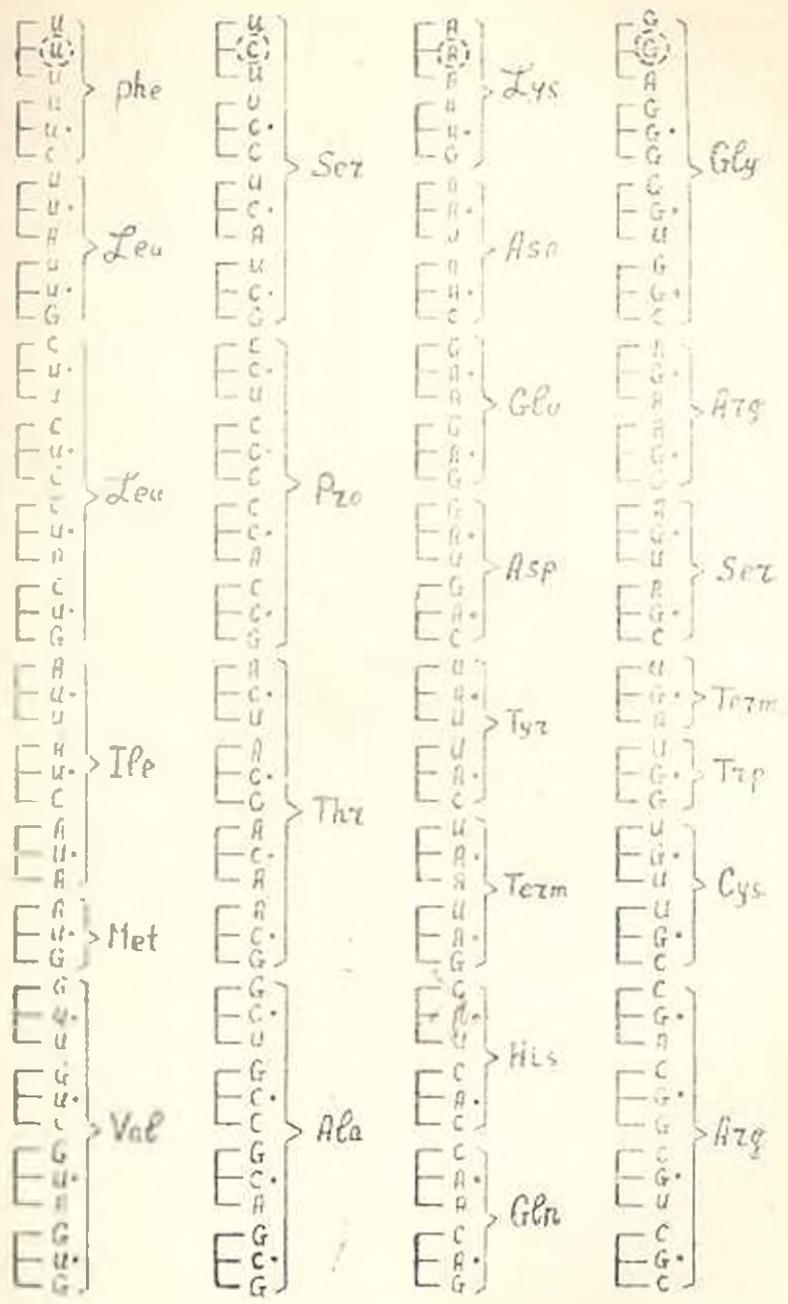


Рис 1. Структура кодонов аминокислот по принципу полярности. 1) представляет 16 неполярных U-кодонов, 2)—16 смешанных C-кодонов, 3)—16 полярных A-кодонов, 4)—16 полярных G-кодонов

выми α -аминоадипиновой кислоты [4, 5]. Меклер в свою очередь утверждал, что предсказанная аминокислота должна быть полярной.

Окончательный ответ—за экспериментаторами.

С целью внесения ясности в проблему кодирования выделили элементарно-сопряженные наборы кодонов аминокислот внутри универсального генетического кода (рис. 2). Ими оказались: 16 кодонов У—А типа (рис. 2, а), 16 кодонов А—У типа (б), 16 кодонов Ц—Г типа (в) и 16 кодонов Г—Ц типа (г). Далее составили схемы четырех молекулярных композиций аминокислот вместе с тремя полярными терминирующими кодонами (рис. 3). Четыре позиции (а, б, в, г) на рис. 3 соответствуют четырем позициям на рис. 2.

В литературе имеются сведения о составлении графов аминокислот по коду Полинга-Корн [6], которые не только по количеству, но и принципиально отличаются от составленных нами четырех молекулярных композиций. Они составлены по принципу кодон-зависимости аминокислот, с уточнением количества кодонов серина и введением 21-й генетически кодируемой аминокислоты Ард. (рис. 3, г), и характеризуют периодический принцип молекулярной организации гено типа и фенотипа.

Кроме того, из-за кодон-зависимости различаются Лей1 и Лей2 (рис. 3, а), Гли1 (в) и Гли2 (г), Арг1 (в) и Арг2 (г). Буквой Z (рис. 3, в) обозначена аминокислота, соответствующая аргинину в универсальном генетическом коде, но так как между неполярным пролином и серином уже присутствует полярный аргинин (Арг1), то мы считаем бессмысленным дублирующее присутствие еще одного аргинина с кодонами АГА, АГГ.

Это приводит на мысль о существовании также еще не идентифицированной 22 (1) генетически кодируемой аминокислоты с кодонами АГА и АГГ.

Фактически эти кодоны из той же «запомняющей зоны» генетического кода, что и кодоны АГУ и АГЦ, ранее приписанные серину (рис. 2).

В представленных молекулярных композициях полярные (отмеченные буквой П) и неполярные (отмеч. буквой НП) аминокислоты чередуют друг-друга с помощью 16 элементарно-сопряженных кодонов, которые образуют замкнутые контуры с полярными или неполярными полюсами (рис. 3).

Они странным образом совпадают с четырьмя молекулярными композициями «липид-протени», обнаруженными Давидяном в плазматических мембранах [7]. Так как за каждой такой композицией прячется свойственный ей гальванический элемент, то выявленные молекулярные композиции аминокислот могут лечь в основу их расшифровки.

После систематизации функциональных единиц основных биополимеров клетки стало возможным «молекулярную логику живого» распространить на бесплодные гетерогенные образования и, с помощью

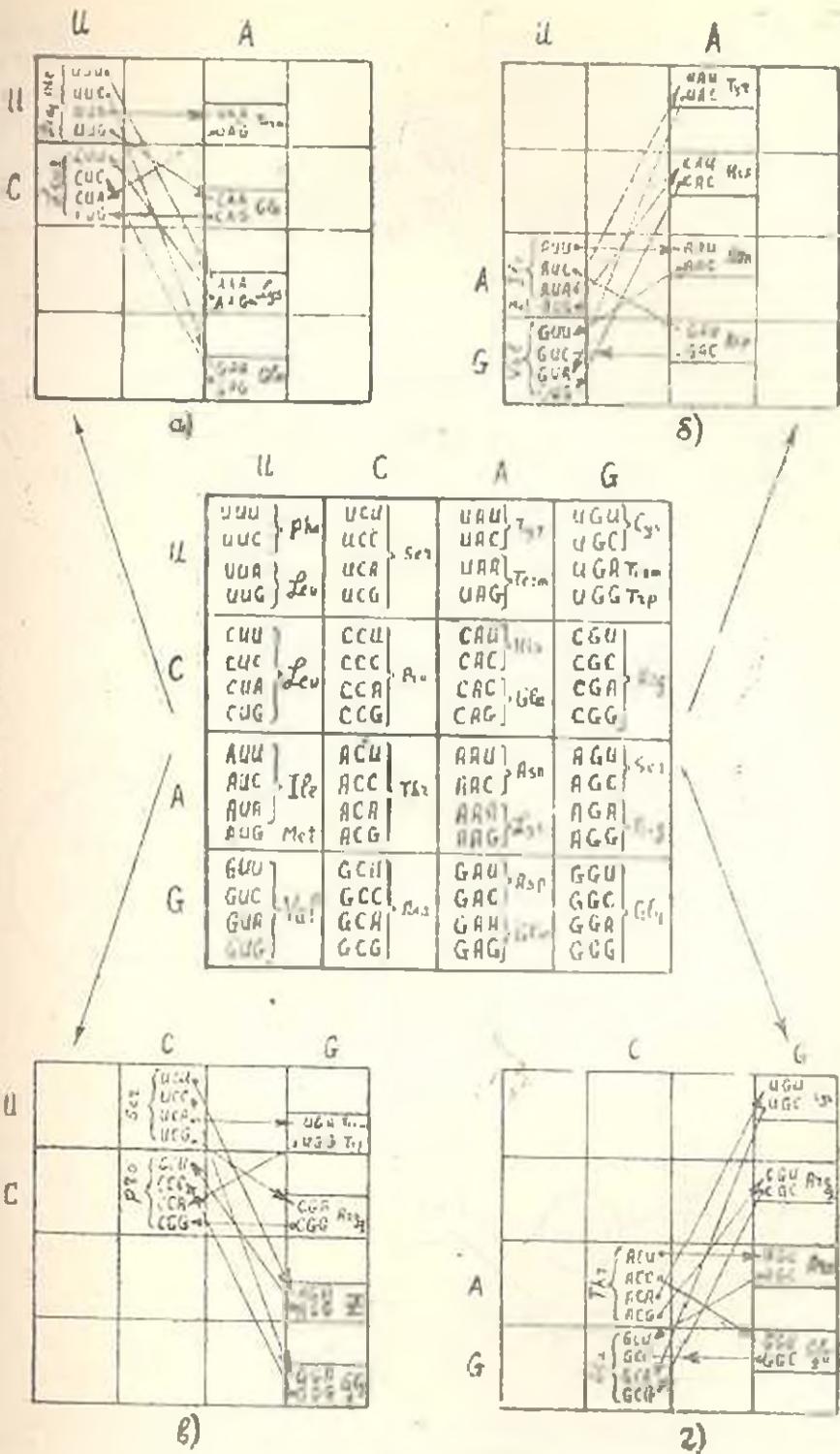
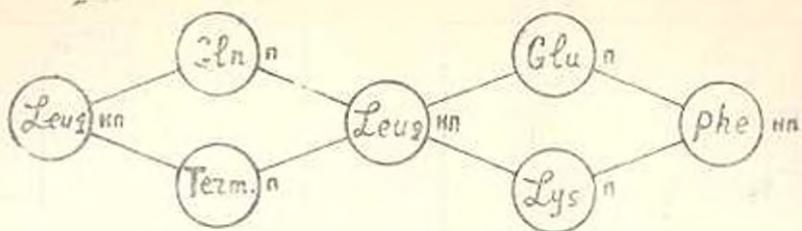
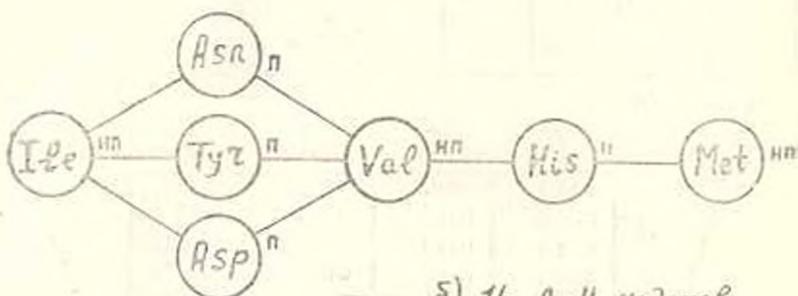


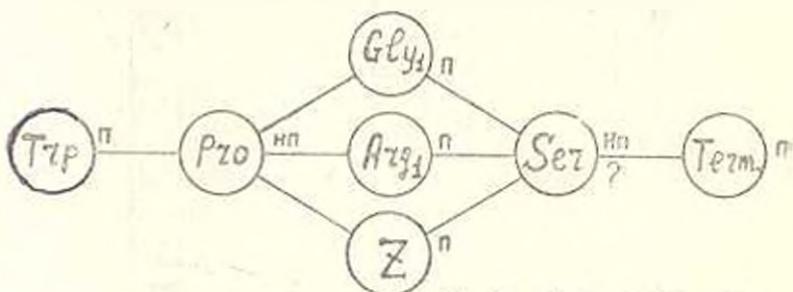
Рис. 2. Уточненный универсальный генетический код. а) представляет 16 U-A кодонов, б) — 16 A-U кодонов, в) — 16 C-G кодонов, г) — 16 G-C кодонов.



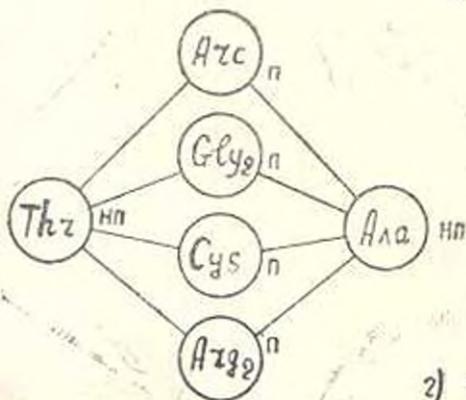
а) 16 U-A кодонов



б) 16 A-U кодонов



в) 16 C-G кодонов



г) 16 G-C кодонов

Рис. 3. Молекулярные композиции аминокислот с возвратно-комплементарными кодами.

белкового фронта, опосредованно оценить связь с генетическим аппаратом других классов биомолекул также.

В работе о систематизации жирных кислот (статья в печати) был предложен тетраплетный код для них. Ныне предлагаем пентаплетный код для сахаридов, ибо специфично информативны как мононуклеотиды, так и ди-, три-, тетра- и пента-плеты их сочетаний. Гексаплет-есть повтор.

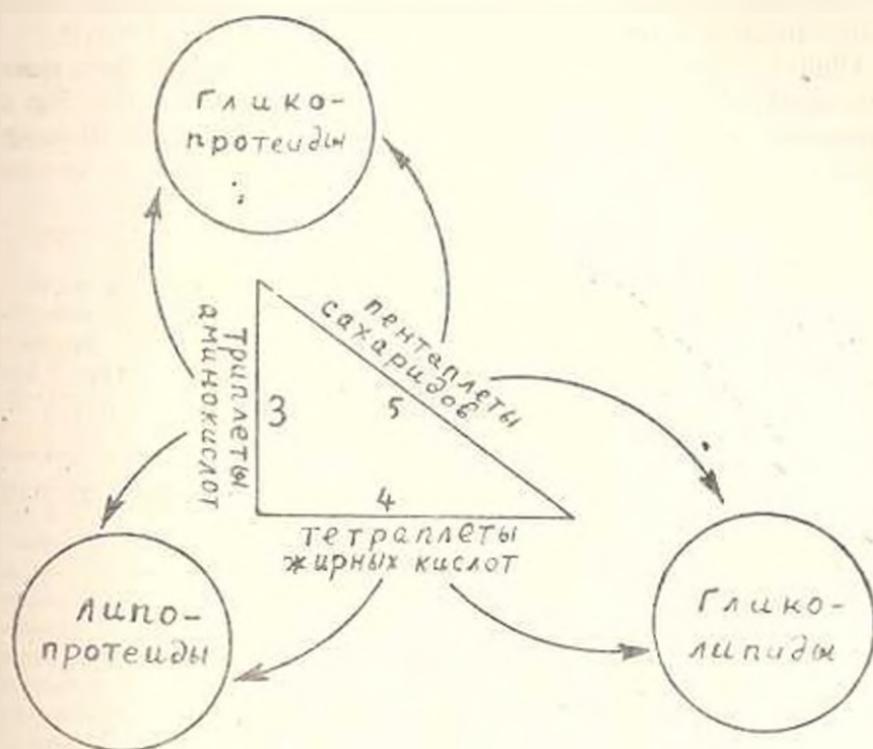


Рис. 4. Логическая связь между основными биополимерами клетки через систему кодирования.

В пределах универсального генетического кода существует несколько систем кодирования. Их можно согласовать при помощи логического треугольника или треугольника Пифагора со сторонами 3, 4 и 5, на которых располагаются триплеты аминокислот, тетраплеты жирных кислот и пентаплеты сахаридов соответственно (рис. 4).

Клеточные мембраны различных организмов содержат около 60% белка и 40% липида. Липиды переносятся также током крови в форме липопротеидов. Большой класс гликолипидов составляют ганглиозиды, которые обнаружены на внешней поверхности клеточных мембран, особенно в нервных клетках. Сфинголипиды обнаружены в мембранах растительных и животных клеток: богата ими нервная ткань и мозг.

Размеры, форма, состав биополимеров и клеточных органелл играют основную роль в обеспечении их специфичности и гармонически

сочетанной активности в биологических гетерогенных образованиях, ибо, в основе молекулярной организации биологических структур лежит универсальный принцип линейного узнавания двоичных систем.

Правомерность обобщения связей (рис. 4) между клеточными компонентами через генетический код вытекает из особенностей их систематизации при помощи единого для всех них электронно-числового универсального параметра. Отнюдь не случайно, что распределение насыщенных жирных кислот соответствует распределению аминокислот группы глицина [1], мононенасыщенных—группы пролина, диненасыщенных—триптофана, триненасыщенных—гистидина.

Общая генетическая детерминированность всех молекулярных и биополимерных компонентов клетки не оставляет сомнения. Это одно из положений развиваемого нами научного направления «Биософия».

ЛИТЕРАТУРА

1. Геворкян Г. А. Биолог. ж. Армения, 38, 3, 216, 1985.
2. Геворкян Г. А. Биолог. ж. Армения, 40, 11, 958, 1987.
3. Геворкян Г. А. Биолог. ж. Армения, 41, 7, 613, 1988.
4. Геворкян Г. А. Биолог. ж. Армения, 42, 6, 525, 1989.
5. Малыгин А. Г. Карта метабиологических путей, М., 1976.
6. Меклер Л. Б., Идлис Р. Г. Биофизика, 26, 3, 574, 1991.
7. Davidian D. B. Biolog. Journ. of Armenia, 44, 1, 313, 1991.

Поступило 31. I. 1991 г.