
СИОМИЯ ГЕНЕТИЧЕСКОГО КОДА –
ПУТЬ К РЕАЛЬНЫМ РЕЧЕВЫМ ХАРАКТЕРИСТИКАМ КОДИРУЕМЫХ БЕЛКОВ

П.П.Гаряев, Е.А.Леонова-Гаряева.

ООО Институт квантовой генетики

АБСТРАКТ

На основе теоретического анализа и экспериментальных работ дается анализ роли третьего нуклеотида в кодонах при биосинтезе белков. Его значение понимается расширенно по сравнению с существующими представлениями. Третий нуклеотид функционально и симметрично делит семейства кодонов на 32 синонима и 32 СИнонимо-ОМонимичных гибридных кодонов – СИОМов. При этом сиомы обладают функцией запуска нелокального рибосомного анализа мРНК как реального контекста на языке ДНК. Такой анализ является естественной необходимостью выбора одной аминокислоты из двух разных или аминокислоты и стоп позиции в ситуации встречи рибосомы с сиом кодонами, которые обладают двойственным кодированием. Это было теоретически обосновано ранее [1, 2, 3]. Экспериментальная работа [4] подтвердила такую теорию, когда было показано, что две разные аминокислоты – селеноцистеин и цистеин кодируются одним сиом кодоном UGA для инфузории *Euplotes crassus*. Этот результат не ставит под сомнение догму об однозначности кодирования аминокислот и стоп позиций геномом клеток, но заставляют ввести коррективы в модель генетического кодирования. Эти коррективы основаны на расширенном понимании особой знаковой роли третьего нуклеотида в кодонах и на принятии идеи реальной, а не метафорической, текстовости белковых генов (мРНК). Такое осмысление Рече подобности генов (мРНК) и роли в этом третьего нуклеотида в кодонах ведет к простому положению о квази разумности (биокомпьютинге) белок синтезирующей системы и способности её оценивать контекст (смысл) мРНК для принятия решения о выборе аминокислот и стопов в сиом ситуации, исходя из смыслов текстов генов (мРНК).

Ключевые слова: Генетическая информация, кодоны, сиомы, сиомиа.

Вобл гипотеза Ф. Крика

О вобл гипотезе Ф. Крика написано очень много, включая работы самого автора этой гипотезы, но большинство суждений основываются на формулировке Ф. Крика из его книги «Безумный поиск» 1988г. [5]. Вот эти ключевые слова: *"Важно отметить один момент, что, хотя генетический код имеет определенные закономерности — в некоторых случаях именно первые два основания кодируют одну аминокислоту, характер же третьего основания роли не играет — структура кода в противном случае не имеет никакого очевидного смысла".*¹

Однако есть некоторые существенные дополнительные моменты, которые следуют из этого краткого посыла. Об этом настоящая работа. Генетический белковый код, как «стандартный», был получен группой М. Ниренберга в результате изучения синтеза белков кишечной палочки *E.coli*. Итог этой работы - Таблица стандартного генетического кода. Она отображает функции генов белков как статичная кодовая структура, где все кодоны ОДНОЗНАЧНО кодируют аминокислоты и стоп положения (остановки биосинтеза белков). Важно то, что в соответствии с Вобл гипотезой, половина известных 64 кодонов, т.е. 32 являются избыточными для 20 известных аминокислот. Относительно 21-й аминокислоте, селеноцистеине и её кодировании – см. ниже. Избыточные кодоны – это синонимы, которые в разной степени многократности кодируют одни и те же, но разные, аминокислоты и стоп позиции. Это главные положения в модели М. Ниренберга и присоединившегося к нему Ф. Крика, Оно господствует уже 50 лет с момента получения М. Ниренбергом Нобелевской премии за эту модель в 1968г. Сейчас накопились теоретические и экспериментальные результаты, которые вынуждают внести некоторые дополнения в такое понимание генетического кодирования белков. Они таковы.

Факторы однозначности и вырожденности белкового кода *E.coli*

Таблица стандартного кода разделена функционально на две симметричные и равные части, где 32 кодона ОДНОЗНАЧНО и ИЗБЫТОЧНО кодируют только аминокислоты. Это кодоны-синонимы. 32 других кодона (не синонимы), названные омонимами [1, 2, 3], НЕ ОДНОЗНАЧНО шифруют аминокислоты и стоп позиции, и не

¹ В оригинале: "An important point to notice is that although the genetic code has certain regularities—in several cases it is the first two bases that encode one amino acid, the nature of the third being irrelevant—its structure otherwise makes no obvious sense."

всегда в соответствии с таблицей стандартного кода. А именно каждый кодон омоним шифрует одновременно две разных аминокислоты или аминокислоту и стоп позицию. Это означает, что для точного синтеза белков необходим ВЫБОР – из двух разных аминокислот – одну, или выбирается аминокислота или стоп позиция. Дешифрованные аминокислоты или стоп позиции в этом случае могут не соответствовать Таблице стандартного кода, поскольку опознаются и выбираются рибосомой по кодонам-омонимам в ДИНАМИКЕ ее чтения мРНК с логическим анализом её контекста. Это противоречит догме М. Ниренберга и Ф. Крика об однозначности кодирования, которую принимали как незыблемой вплоть до работ [1, 2, 3] и статьи [4], в которой экспериментально доказано, что кодон аминокислоты селеноцистеина одновременно шифрует другую аминокислоту – цистеин. Это дало причину сомневаться в очевидности этой догмы и искать объяснение этого феномена не как нарушающего догму однозначности кодирования, но как подтверждающую её с позиций лингвистического принципа омонимии, то есть реальной (не метафорической) текстовости генов (мРНК). Это происходит в процессе биосинтеза белков как противоположность обратному, тоже лингвистическому, положению синонимии, о кодировании одной аминокислоты многими кодонами. Последнее соответствует Вобл гипотезе Ф. Крика и экспериментально доказывается наличием изо акцепторных тРНК. Предельно общее определение синонимии и омонимии можно сформулировать следующим образом. Синонимия – это отображение, кодирование единичного множеством разнообразного. Омонимия – это отображение, кодирование единичным множества разнообразного. Это демонстрируется в новом представлении Таблицы 1 генетического кода, где видно функциональное и симметричное разделение кода на кодоны синонимы и омонимы. Группировки кодонов по семействам проведены по схеме Лагерквиста [6], где формирующим семейства фактором являются первые два нуклеотида в кодонах (триплетах). Сами семейства сгруппированы нами иначе - по признаку синонимии и омонимии.

Таблица 1. Таблица генетического кода

красные – смешанные кодоны – сиомы
(синонимы+омонимы),
голубые – синонимы



	C	G	T(U)	A
T(U)	TCT Ser TCC Ser TCA Ser TCG Ser	TGT Cys TGC Cys TGA Stop TGG Trp	TTT Phe TTC Phe TTA Leu TTG Leu	TAT Tyr TAC Tyr TAA Stop TAG Stop
A	ACT Thr ACC Thr ACA Thr ACG Thr	AGT Ser AGC Ser AGA Arg AGG Arg	ATT Ile ATC Ile ATA Ile ATG Met	AAT Asn AAC Asn AAA Lys AAG Lys
C	CCT Pro CCC Pro CCA Pro CCG Pro	CGT Arg CGC Arg CGA Arg CGG Arg	CTT Leu CTC Leu CTA Leu CTG Leu	CAT His CAC His CAA Gln CAG Gln
G	GCT Ala GCC Ala GCA Ala GCG Ala	GGT Gly GGC Gly GGA Gly GGG Gly	GTT Val GTC Val GTA Val GTG Val	GAT Asp GAC Asp GAA Glu GAG Glu

Видно, что таблица симметрично разделена на кодоны синонимы и кодоны омонимы. Таблица взята из статьи [4].

Как происходит выбор аминокислот и стоп позиций в ситуации встречи рибосомы с кодоном омонимом на мРНК

Такой ВЫБОР осуществляется рибосомой за счет учёта ею (и/ли всей клеткой) контекста данной мРНК. Этот выбор автоматически означает квази разумность белок синтезирующей системы, точнее, её биокомпьютерные функции [7]. Квази разумность присутствует потому, что мРНК (копия гена) есть текст не в метафорическом, а в прямом смысле [1, 2, 3].

Ситуация ОДНОЗНАЧНОСТИ кодирования СИНОНИМАМИ определяется тем, что в каждом из 8-ми семейств кодонов ВСЕ ТРОЙКИ (триплеты, кодоны) РАЗНЫЕ. По этой причине в семействах триплетов кодирование происходит ВСЕМИ тремя буквами (нуклеотидами) и все тройки в каждом семействе кодируют только одну аминокислоту. Это кодирование ОДНОЗНАЧНОЕ И ИЗБЫТОЧНОЕ. Замена третьих нуклеотидов в кодонах не приводит к изменению кодирования.

Ситуация ПЕРВИЧНОЙ НЕ ОДНОЗНАЧНОСТИ кодирования триплетными ОМОНИМАМИ изначально (до чтения рибосомой мРНК) имеется у половины кодонов – не синонимов (т.е. собственно омонимов). Это зависит от того, что 3-й нуклеотид

кодонах, ключевой участник в работе генома-биокомпьютера каждой клетки, до акта чтения рибосомой мРНК, «не планирует» в состоянии статики участия в кодировании и потенциально может быть любым из 4-х возможных. Напомню, что Ф. Крик никак не комментировал такие ситуации динамизма работы рибосом. И так, кодируют первые два нуклеотида (дублеты). При этом в 6-ти семействах омонимов возникает ситуация, когда пары **ОДИНАКОВЫХ** дублетов кодируют разные аминокислоты. При этом в двух семействах происходит следующее. Дублет семейства **ТА** дважды кодирует Тирозин и Стоп, а в двух **TG** дублетах один дублет дважды кодирует Цистеин, а для другого дублета того же **TG** семейства одна дублетная пара кодирует Цистеин, другая дублетная пара – Стоп и Триптофан. В целом это означает, что и в этом случае тоже наличествует фактор омонимии, но с важными дополнительными характеристиками. Это явление, было открыто группой М. Ниренберга и Ф. Криком на примере семейства кодонов **T(U)T(U)** [8], когда триплет **UUU** одновременно кодирует Фенилаланин и Лейцин. Такая одновременность не была понята Ф. Криком и М. Ниренбергом. И не была ими оценена как противоречащая выдвинутое ими постулату об **ОДНОЗНАЧНОСТИ** кодирования всеми 64 кодонами аминокислот и стопов. Это происходило вплоть до работы Туранова и др. [4], где они продемонстрировали такую же одновременность кодирования для селеноцистеина и цистеина, что давно было обнаружено Криком и Ниренбергом для кодона **UUU** [8]. Именно после работы [4], где экспериментально была продемонстрирована двусмысленность кодона **UGA** и теоретического обоснования такого явления [2, 3, 4], появились первые сомнения в очевидности догмы об однозначном кодировании аминокислот и стоп положений всеми 64 кодонами. Легче оценить эту дополнительную и существенную информацию относительно омонимии половины кодонов по новому представлению таблицы генетического кода (Таблица 2). Она взята из работы [1].

Таблица 2. Синонимо-омонимическая двумерность генетического кода

С
И
Н
О
Н
И
М
И
Я

Asp	Glu	Lys	Gln	Gln	His	Leu	Phe	Leu	Met
GA _C	GA _A	AA _C	AA _A	CA _A	CA _C	UU _A	UU _C	AU _A	AU _G
GA _U	GA _G	AA _U	AA _G	CA _G	CA _U	UU _G	UU _U	AU _C	AU _U

Arg	Ser	Trp	Stop	Tyr	Stop
AG _A	AG _C	UG _G	UG _A	UA _C	UA _A
AG _G	AG _U	UG _T	UG _C	UA _U	UA _G

ОМОНИМИЯ

Биофункция такого синонимо-омонимического дуализма (в пределах смешанных семейств кодонов), возможно, в придании еще большей гибкости коду. Такая дуалистичность фактически означает гибридизацию кодовых возможностей в восьми смешанных семействах кодонов. Поэтому удобнее было бы их назвать их как СИОМ семейства (от смешения слов СИноним и ОМоним). А эту характеристику кода назвать СИОМИЕЙ.

Существенный момент. Принятая научным сообществом стандартная таблица белкового кода *E.coli* СТАТИЧНА и не отображает важнейший фактор динамизма в процессе биосинтеза белков *in vivo*. Это является одной из причин неполного понимания большинством ключевой знаковой функции 3-го нуклеотида в кодонах сиомах, выводящих геном на уровень реально, а не метафорически, текстовых построений ДНК и РНК. Сиомия даёт белок синтезирующей системе бесконечные горизонты смысловых (квази речевых) кодирований. Особенно это значимо для функций нейронов головного мозга человека, где акты мышления-сознания реализуются, вероятно, по пути материализации коротко живущих ДНК-РНК-Белковых текстов в форме физических полей как овеществлённых эквивалентов мыслей [9].

Таким образом, мы видим синонимо-омонимическую вырожденность (СИОМИЮ) белкового генетического кода, что является некоторой коррекцией прежней модели кода. Этот факт отображает единство противоположностей функций кодонов синонимов и кодонов сиомов, где синонимы выступают как избыточность и точность кодирования, а сиомы как гибкость и приспособляемость кода к изменениям окружающей среды.

Поправка к Вобл гипотезе Ф. Крика

Для синонимов все 4 разных нуклеотида (Т,С,А,Г) в 3-м положении в кодонах могут меняться местами как угодно. Это не влияет на их кодовые функции. Но для синонимов это принципиально не соответствует официальной Таблице стандартного кода. Это не означает отрицание однозначности кодирования. Однозначность достигается путём контекстных ориентаций рибосом на мРНК. В сиомах на уровне трансляции мРНК в белки в случаях сдвигов рамки считывания искусственные или мутационные замены третьих нуклеотидов могут привести к аномальным контекст-зависимым выборам кодирования аминокислот и/или стоп-положений. Это будет происходить, если при сдвиге рамки считывания третий нуклеотид сиома займет положение первого или второго нуклеотида в сиоме.

Такие замены случайны и не безразличны для биосинтеза белков, как требует Вобл-гипотеза Ф. Крика. Значения первых двух нуклеотидов сиома задаются контекстами мРНК, а третьему нуклеотиду остаются роли: а) участвовать в кодировании с «делегированной функцией», б) в дополнение, чисто физически укреплять кодон-антикодонную пару на рибосомах.

Что такое «делегированная функция»? Поскольку порядок нуклеотидов в белковом гене и, соответственно, в мРНК, жесткий (наследственный), то при чтении рибосомой мРНК и встрече с дублетом сиом-кодона (с 1-м и 2-м нуклеотидами триплета) возникает ситуация неопределенности, связанной с 3-м возбуждающим по Ф. Крику (и по Природе кода) нуклеотидом. Какова его знаковая роль в тексте кодона сиома? Она реализуется, вероятно, с помощью «делегирования» недостающей знаковой функции 3-му нуклеотиду сиома по схеме контекстных ориентаций. Пример из лингвистики: вот предложения - "Он услышал, что коР замяукал" или "Он забыл коГ своей электронной почты". Исходя из контекстов, в первом предложении в слове коР букве Р надо делегировать функцию буквы Т, а во втором предложении букве Г делегировать функцию буквы Д. В результате сиом-дубликаты утрачивают смысловую неопределенность и в составе целостного триплета, бывшего ранее сиомом, приобретают точную и ЕДИНСТВЕННУЮ семантику кодирующего триплета – выбор аминокислоты и/или стоп-позиции. Дуализм сиома утрачивается, возникает однозначность. Приобретается однозначность кодирования, но в динамичном акте чтения рибосомой мРНК. Таково стратегическое следствие синонимо-омонимической вырожденности (двумерности, сиомии) кода белков. Принцип прост, как всё гениальное, «придуманное» Природой. Это сродни перекодировкам кодонов, которые давно известны для

стрессовых состояний биосистем (тепловой шок, наличие экзогенных антибиотиков, аминокислотное голодание), но не поняты пока в отношении временно двусмысленных дублетов в составе кодонов сиомов. В лингвистике есть канонический пример роли концов слов в предложении (в контексте) для делегирования смысла прежде непонятным «словам»: "Глокая куздра штеко будланула бокра и курдячит бокрѐнка". Вроде бессмыслица, но интуитивно понятно. Окончания «слов» дают, делегируют им относительно точный смысл. Вероятно, в ДНК и мРНК текстах такой прием используется. Синонимо-омонимическую двумерность кодонов сиом можно видеть на Таблице 3 на примере семейства кодонов ТА. С ТА семейством попарная синонимия имеет место. Но на TG семейство это распространяется только на половину - для TGA и TGG синонимии нет, там кодируются Stop и Trp. Это исключение. Для всех остальных сиомических семейств попарная синонимия соблюдается. Также как и попарная оппозиционная омонимия.

В кодонах-сиомах замены третьих (3') нуклеотидов приведут к контекст зависимым выборам кодирования аминокислот и/или стоп положений. Такие замены случайны и могут происходить только от случайных радиационных, химических или искусственно заданных мутаций. Только они могут заменить, или скорее, повредить третьи (3') нуклеотиды в кодонах-сиомах, закрепленных жестко, наследственно.

Можно предложить следующее правило: третьи (3') нуклеотиды в кодонах-сиомах принимают делегированные им значения четырех нуклеотидов A,U,G,C, выбираемое рибосомным нано биокомпьютером в процессе чтения им контекста мРНК. В свою очередь, этот выбор определяет какой комплекс 'аминокислота-тРНК-антикодон:кодон-сиом' будет задействован с включением выбранной в итоге аминокислоты в растущую пептидную цепь.

Таблица 3. Двумерная синонимо-омонимическая вырожденность (сиомия) белкового триплетного кода

TAT TYR	TAC TYR	TAA STOP	TAG STOP	<i>ПОПАРНЫЕ СИНОНИМЫ</i>
TAC TYR				
TAA STOP				
TAG STOP				

ПОПАРНЫЕ ПРОТИВОСТЯЖИЕ ОМОНИМЫ

Почему стоп кодоны находятся в семействах сиомов

Терминация — окончание синтеза белка, осуществляется, когда в А-сайте рибосомы оказывается один из стоп- кодонов — UAG, UAA, UGA. Из-за отсутствия тРНК, соответствующих этим кодоном, пептидил-тРНК остаётся связанной с Р-сайтом рибосомы. Здесь в действие вступают специфические белки RF1 или RF2, которые катализируют отсоединение полипептидной цепи от мРНК, а также RF3, который вызывает диссоциацию мРНК из рибосомы. RF1 узнаёт в А-участке UAA или UAG; RF-2 — UAA или UGA.

Этому предшествует важное событие - принятие решения об остановке синтеза белка тремя стоп кодонами (сиомами). "Решение" в данном случае - не пустая метафора, но результат работы нанобиокомпьютера, которым, вероятно, является белок синтезирующая система [7]. Именно нано биокомпьютер анализирует КОНТЕКСТ мРНК последовательностей и тогда, и только тогда, один из трех двусмысленных сиом триплетов (то-ли стоп, то-ли аминокислота) приобретают значение или стопа, или аминокислоты. Почему именно так? Представьте себе, что стоп-функции принадлежат каким-то кодоном синонимам. Тогда выпадает стратегическая функция анализа текстовой, смысловой составляющей генов (мРНК). Ведь синонимы жестко, однозначно и избыточно кодируют аминокислоты, что следует из неизменности естественных нативных текстов генов (мРНК). В противоположность жесткой однозначности кодонов синонимов, стопы-сиомы живут в мРНК в режиме ожидания смысла контекста мРНК (гена). В зависимости от её смысла, принимается решение о точном значении двусмысленного кодона сиома - быть кодом аминокислоты и продолжить синтез белка, или остановить его, как и положено стоп кодону.

ОБСУЖДЕНИЕ

В исследовании дана логически не противоречивая идея о том, что рибосомы или в целом белок синтезирующая система "выбирает" нужные аминокислоты и стоп-позиции при встрече рибосомы с кодоном не синонимами (сиом-кодонами), реально читая и оценивая смыслы контекстов мРНК. Выбор осуществляется между двумя одинаковыми антикодонами тРНК, несущими разные аминокислоты. Эти антикодоны узнаются, оцениваются и выбираются комплексом «рибосома + сиом-кодона в контексте мРНК», исходя из смысла контекста мРНК. Выбор семантики сиом-кодонов и, соответственно одной из двух тРНК, несущих две разные аминокислоты или аминокислоту и стоп-сигнал, происходит за счет смысловой ориентации рибосомы на контексте мРНК как

нанобиокомпьютера. Эта ситуация, казалось бы, противоречит канону генетики об однозначном генетическом кодировании всех аминокислот. Однако такой «выбор» не отменяет правильный ключевой тезис об однозначности кодирования аминокислот при биосинтезе белков. Кажущееся противоречие снимается особой функцией 3-го нуклеотида в 32-х не синонимических кодонах-сиомах. Стратегическая важность этого факта в том, что кодирование белков выводится в область законов лингвистики, ранее неизвестных для работы геномов. Функцией 3-го нуклеотида в 32 кодонах-сиомах является различительное семантическое маркирование синонимических и синонимомонимических (сиомов) триплет-нуклеотидных семейств, участвующих в биосинтезе белков. В этом процессе действуют лингвистические, речеподобные законы построения белковых текстов (речи) из аминокислотных букв. Такое представление о работе генома теперь перестаёт быть метафоричным и приобретает точный смысл, основанный не только на логике, но и на экспериментальном доказательстве сложной смешанной смысловой дуалистичности сиом-кодонов [4].

Метафора "выбор" аминокислот и стоп позиций при биосинтезе белков перестаёт быть метафорой и становится одним из научных фактов более развитой Менделевской генетики и молекулярной биологии. На основе теоретического анализа [1, 2, 3] и экспериментальной работы [4] дается анализ роли третьего (3') нуклеотида в сиом-кодонах при биосинтезе белков. Его значение понимается расширенно по сравнению с существующими представлениями. Третий (3') нуклеотид функционально и симметрично делит семейства кодонов на 32 синонима и 32 сиом-кодона. При этом сиом-кодоны обладают стратегической функцией участвовать в запуске нелокального нанобиокомпьютерного рибосомного анализа мРНК как реального контекста на языке мРНК. Такой анализ является естественной необходимостью выбора одной аминокислоты из двух разных или аминокислоты и стоп-позиции в ситуации встречи рибосомы с сиом-кодонами, которые обладают функцией двойного кодирования. Это было теоретически обосновано ранее [1, 2, 3]. Экспериментальная работа [4] подтвердила такую теорию, когда было показано, что две разные аминокислоты – селеноцистеин и цистеин кодируются одним сиом-кодоном UGA для инфузории *Euplotes crassus*, что в определенной мере принципиально применимо к геному человека. Этот результат не ставит под сомнение догму об однозначности кодирования аминокислот и стоп-позиций геномами клеток, но заставляет ввести некоторые существенные коррективы в давно принятую и пока не оспариваемую модель генетического кодирования. Эти коррективы основаны на расширенном понимании особой знаковой роли третьего (3') нуклеотида в

кодонах и на принятии идеи реальной а не метафорической текстовости белковых генов. Такое осмысление речеподобности генов (мРНК) и роли в этом процессе третьего нуклеотида (3') в кодонах ведет к простому положению о квази разумности (биокомпьютинге) белоксинтезирующей системы и её способности оценивать конкретный (актуальный) контекст (смысл) мРНК для принятия решения о выборе аминокислот и стопов в сиом-ситуации, исходя из смысла текстов генов (мРНК).

Почему дополнительные характеристики белкового кода, предлагаемые здесь, более прагматичны, чем тактически верная, но стратегически не доработанная, модель кода М.Ниренбега и Ф. Крика [8]. И почему попытки увидеть в коде нечто большее, чем увидели её создатели, были не очень успешными? Эти попытки были сделаны в работах Лагерквиста [6] и Румера [10]. Лагерквист ошибся, считая, что смешанные кодоны² (сиомы, в новой терминологии) с малой вероятностью появляются в мРНК, а Румер увидел симметрии в генетическом коде, классифицируя его по силе кодон-антикодоновых водородных связей, что довольно близко к распределению кодоновых семейств по синонимам и сиомам. Но они не увидели, что синтез белков будет корректным, если кодоны будут функционально разделены на две взаимно дополняющие симметричные группы, как и есть в действительности. Одна из них, синонимы, обеспечивает точность и избыточность кодирования аминокислот. Другая, сиомы, обеспечивает гибкость и приспособляемость синтезируемых белков к изменениям окружающей среды за счет изменения аминокислотного состава и последовательностей синтезируемых белков. В этом мудрость белкового кода.

В этом представлении модели генетического кода интересна публикации Лолли и др. <https://uwaterloo.ca/biology/people-profiles/susan-j-lolle> о возвратной генетике некоторых растений [11]. В этой работе показано, что нет отличий в ДНК последовательностях гена Ler дикого типа и гена НТН мутанта растения *Arabidopsis thaliana*, отвечающих за прямую связь между биологическими свойствами кутикулы, клеточной адгезией и размножением арабидопсиса. Авторы пишут: «In every case the sequence of the reverted НТН allele matched the Ler wild-type sequence exactly» (В каждом случае последовательность возвращенного НТН-аллеля точно соответствовала последовательности дикого типа Ler).

Это означает, что Лолли и Прюитт обнаружили эффект возврата к части предковой генетики у Арабидопсиса. Фантастичность этого факта в том, что вернувшийся "дикий" ген и мутантный ген идентичны по последовательностям, что необъяснимо со старых

² «Смешанные кодоны» - термин Лагерквиста

Менделевских позиций. Но это объяснимо с позиций лингвистико-волновой генетики. Почему же один и тот же ген дает разные фенотипические проявления?

Чтобы получить ответ в рамках рассматриваемых коррекций модели белкового кода, необходимо проверить коллинеарности мРНК и их белковых продуктов у дикого и у мутантного генов. Можно предсказать, что последовательности аминокислот продуктов этих генов будут различны. Аминокислотные последовательности будут различаться по аминокислотному составу, поскольку соседствующие ДНК последовательности с 3' и 5' концов диких и мутантных генов различны, что даёт вариации контекстов и, соответственно, смыслов одних и тех же кодонов в мРНК диких и мутантных генов. Авторы пишут, что высокий уровень реверсии к дикому типу от мутантного давал на нуклеотидном уровне точный дубликат гена дикого типа, наблюдавшегося в предшествующих поколениях. К сожалению, приводимые авторами последовательности нуклеотидов дикого и мутантного кодирующих участков генома не разделены авторами по кодонам. Но очевидно другое - последовательности ДНК с 3' и 5' концов обоих генов различаются, следовательно, контекстуальное содержание их обеих мРНК различно. Это позволяет прогнозировать различающиеся аминокислотные последовательности белковых продуктов обоих «псевдо одинаковых» генов и, естественно, разные морфогенезы кодируемых этими генами областей растения.

Подробный анализ работы Лолли и др. [11], вкуче с исследованием Туранова и др. [4] интересны тем, что их основные результаты подвигают генетику на дополнительные исследования в стратегии генетического кодирования белков. Как видим, тут еще многое надо уточнять. С таких новых позиций в генетике просматриваются возможные угрозы ошибок в рекомбинантных технологиях искусственной гибридизации различных генов, ведущей к семантическому произволу на уровне смыслов мРНК, определяющих выбор и точность кодирования аминокислот и стоп позиций сиом-кодонами. Парадоксальность положения в генетике заключается в том, что за 50 лет существования принятой повсеместно модели белкового кода не проведена масштабная проверка на сотнях белков и со статистикой, проверка коллинеарностей 'белки --- кодоны мРНК'. Если будут найдены несоответствия стандартной таблице кода для белков *E.coli*, то это не будет отрицать модель кода М. Ниренберга и Ф. Крика. Это будет означать неисчерпаемость принципов генетического кодирования белков, особенно, в лингвистическом, квази речевом направлении.

ЛИТЕРАТУРА

1. Gariaev P.P., 1997, Wave genetic code. Monograph. Institute of Control Sciences of the Russian Academy of Sciences. 107 p. (In Russian).
2. Gariaev P.P., 2009, Linguistic-wave genome. Theory and practice. Monograph. 216 p. (In Russian).
3. Gariaev P.P., 2015, Another Understanding of the Model of Genetic Code Theoretical Analysis. Open Journal of Genetics, 2015, 5, 92-109. Published Online June 2015 in SciRes. <http://www.scirp.org/journal/oigen> <http://dx.doi.org/10.4236/ojgen.2015.52008> Institute of Quantum Genetics LLC. Moscow, Russia.
4. Turanov A.A. et al., 2009, Genetic Code Supports Targeted Insertion of Two Amino Acids by One Codon. Published 9 January 2009, Science 323, 259 (2009). DOI: 10.1126/science.1164748
5. Crick F., 1988, What mad pursuit. A personal view of scientific discovery, p. 90.
6. Lagerkvist U., 1978, "Two out of Three": an alternative method for codon reading. Proc. Natl. Acad. Sci. USA., 1978.V. 75. P. 1759-1762.
7. Gariaev P.P., Birshstein B.I., Iarochenko A.M., Marcer P.J., Tertishny G.G., Leonova K.A., Kaempf U., 2001, The DNA-wave biocomputer. "CASYS" – International Journal of Computing Anticipatory Systems (ed. D.M. Dubois), Liege, Belgium, v.10, pp.290-310.
8. Crick F., Nierenberg M., 1964. The genetic code. Successes of physical sciences., v.LHHH11. In Russian.
9. Gariaev P., Leonova-Gariaeva E.A., Nonlocal functions of DNA-RNA proteins in brain and Consciousness-Thinking (is being prepared)
10. Rumer Yu.B., 1968, The codification of codons in the genetic code. Reports of the Academy of Sciences of the USSR. (1968) V.183, N 1, P.225-226.
11. Lolle S.J., Jennifer L.V., Young J.M., Pruitt R.E., 2005, Genome-wide non-mendelian inheritance of extra-genomic information in Arabidopsis, Nature, 434:505-09, March 24, 2005.