

Le code génétique ondulateur

P.P. Gariaev 1997

ISBN 5-7816-0022-1

Institut des problèmes de régulation de
l'Académie des Sciences de Russie.



Présentation de l'ouvrage

Le présent ouvrage « Le code génétique ondulateur » a été écrit trois ans après la sortie de ma monographie « Le génome ondulateur », et malgré la similitude des appellations, il ne s'agit pas d'une répétition, mais plutôt d'un développement dans le plan théorique.

En biologie et plus particulièrement dans sa partie centrale qu'est la génétique, le temps est venu d'une nouvelle évaluation des valeurs. Cette réévaluation aura probablement un caractère explosif. Les termes et les notions de « gène » et de « code à triplets », qui étaient si mal aimés du temps de Lyssenko, sont finalement acceptés partout et ici tout semble être clair. Mais le paradoxe c'est que cette clarté visible est devenue un frein intellectuel. Or l'avalanche des faits expérimentaux ne s'accorde plus avec les idées admises, qui hier encore étaient révolutionnaires. Ces nouveaux faits sont étonnants, ils émeuvent l'imagination et nous poussent en avant. Que l'on prenne le problème de « l'égoïsme » de l'ADN, ou bien l'étrange gâchis de la synthèse des ARN de pré information, ou encore ce marquage intron-exon des gènes, apparemment inutile. Prenez donc le problème des orientations contextuelles lointaines, lors du choix de l'acide aminé, dans le processus de synthèse des protéines, ou bien le phénomène des rayonnements laser et des solitons de l'ADN. Ceci n'est qu'une petite partie des situations « anormales » de la biologie. La situation est particulièrement intéressante avec la fameuse Wobble-hypothèse de F. Crick, qui cache derrière une idée sonore, d'une soi-disant « oscillation », substitution, du troisième nucléotide dans le codon, la principale difficulté théorique du paradigme du code à triplets : son homonymie. Les doublets-homonymes codant identiques doivent indiquer avec précision (coder), l'un ou l'autre des acides aminés, et le ribosome réalise ce choix précis, non ambigu, de l'acide aminé. Mais par quel moyen ? La génétique et la biologie moléculaire sont incapables de répondre à cette question. Elles sont figées dans la phase d'incompréhension des règles d'orthographe de l'écriture des « textes » des protéines constitués des « lettres » acides aminés.

Autrement dit, il est temps de revoir le problème du code génétique. Et pourquoi serait-il génétique ? Il est protéique. Pour ce qui est du code génétique, en tant que programme de construction de la totalité du système biologique, il est

sensiblement différent: il est hétéro multiplétique, polymère, pluraliste, et enfin ondulatoire et métaphorique.

Mon travail ne prétend pas à la vérité en dernière instance. Son but est de poser modestement les nouvelles questions. Les réponses seront trouvées, peut-être, dans le courant du XXI siècle.

P.P Gariaev Académicien de l'Académie des Sciences Techniques Médicales. Membre de l'Académie des Sciences de New York

Table de matière

Présentation de l'ouvrage	1
Table de matière	2
Actualité du thème	2
Le but de ce travail :.....	4
L'orientation pratique de la présente étude	5
Revue du code génétique.....	6
Les correspondances ambigües et la bidimensionnalité synonymo-homonymique du code génétique	7
L'homonymie	8
Extension du modèle du codage ondulatoire génétique.....	16
Confirmation expérimentale de l'existence des gènes ondulatoires.....	18
Modèles théoriques des gènes ondulatoires.....	19
Simulation mathématique des solitons sur l'ADN.....	27
Démonstration expérimentale de la formation des solitons dans des bio polymères informationnels in-vitro	42
Enregistrement du signal IR laser au niveau de la dynamique non linéaire ADN.....	44
De la possibilité de création d'un laser à l'aide de macromolécules informationnelles [30].....	45
Etude théorique de faisabilité de création d'un laser sur des modes de Frelikov [3] ..	48
Formalisme physico-mathématique d'un modèle d'antenne [16]	54
Conversion des signaux épigénétiques dans les structures électromagnétiques des solitons, et leur transposition dans le génome d'un accepteur	60
Générateur de paquets d'ondes isolées (solitons) sous forme d'onde en retour Fermi-Pasta-Ulam.....	63
Unité de structure fractale des « textes » ADN et des textes des langues naturelles.....	64
De la faisabilité de création du bio ordinateur basé sur des structures génétiques	70
Le phénomène de transformation de la lumière en ondes radio, applicable dans les systèmes et les calculateurs biologiques [42]	75
Résultats fondamentaux	85
Bibliographie	86

Actualité du thème

Ces dernières décennies ont vu se produire certaines situations de crise en biologie moléculaire et en biologie du développement. Après la découverte de la structure de l'ADN, et l'analyse détaillée de la participation de cette molécule dans

les processus fondamentaux génétiques, le problème de base du phénomène de Vie : sa reproduction, est resté en fait non résolu. De là provient la limitation de l'arsenal des moyens techniques et biotechniques de la régulation de la croissance et du développement des systèmes biologiques. Une césure évidente est apparue entre la microstructure du code génétique et la macrostructure des systèmes biologiques. Même la découverte des homéo boxes d'ADN, qui influencent radicalement la création des formes pendant l'embryogénèse n'a fait que mettre en lumière un peu plus clairement ce à propos de quoi, dans le temps, nous avait prévenu A. G. Gurvitch : La charge des gènes est bien trop forte et c'est pourquoi il devient indispensable d'introduire la notion de champ biologique, qui serait une structure spatio-temporelle de marquage « *dont les propriétés seraient adoptées formellement depuis les représentations physiques* »¹. Selon Gurvitch, un tel champ élémentaire devrait être « *..Le champ de l'équivalent du chromosome..* ». Puis, plus loin : « *..la chromatine conserve son « activité » c'est à dire qu'elle est porteuse du champ actif, mais dans un état déséquilibré* »² On voit ici la prémonition d'un pompage laser du chromosome, en tant qu'état déséquilibré, que nous avons obtenu, in vitro, 50 ans plus tard, pour l'ADN et du nucléo histone [18].

Nous voyons des idées voisines également chez A. A. Lioubichtchev, dans son travail de 1925 « *De la nature des faits d'hérédité* » (« О природе наследственных факторов »). Il écrit : « *Les gènes ne sont pas des êtres vivants, ni des morceaux de chromosomes, ni des molécules de ferments auto catalytiques, ni des radicaux, ni une structure physique, ni une force induite par un vecteur matériel. Nous devons reconnaître le gène comme une **substance immatérielle**, semblables au champ embryonnaire de Gurvitch, mais **potentielle*** »³. Puis, encore : « *l'interaction entre hérédité et les chromosomes est semblable à la relation entre matière et mémoire selon Bergson... Les gènes dans le génotype constituent non pas une mosaïque mais une unité harmonique, **semblable à un chœur*** »⁴. Trois ans plus tard, un autre de nos précurseurs scientifiques, V. N. Beklemichev, converge vers les mêmes idées dans ses travaux, réalisés dans la ville de Perm : « *La méthodologie de la systématique* », (Методология систематики). Pour se rapprocher de l'embryogénèse réelle il importe d'accepter l'idée de **musique** et de **paroles** en tant que certains modèles de vecteurs des actes génétiques. La musique autant que la parole « *.. contient des propriétés anatomiques (il y a des signes d'états), la hauteur, l'intensité du son, des harmoniques, etc.. Et en conséquence il est possible de décrire des stades distincts, et une description formelle du processus dans sa totalité... La chose musicale est semblable à la morphogénèse, bien plus intimement, qu'il n'y paraît à première vue. La différence entre les deux processus, qui saute aux yeux, c'est que les changements, dans le corps en développement, vont s'accumuler, alors que les*

¹ A. G. Gurvitch. Théorie du champ biologique Moscou 1944, page 28
Гурвич А. Г. Теория биологического поля. М, 1944. С. 28.

² Comme le 1 mais page 29

³ A. A. Lioubichtchev. De la nature des facteurs héréditaires. Perm 1925, page 119
(Любичев А.А. О природе наследственных факторов. Пермь, 1925. С.119.)

⁴ A. A. Lioubichtchev. De la nature des facteurs héréditaires. Perm 1925, page 120
(Любичев А.А. О природе наследственных факторов. Пермь, 1925. С.120.)

changements dans le flux musical vont se substituer, sans laisser de trace. Mais le véritable sujet du développement de la musique c'est l'impression esthétique : Elle croît et se développe sous l'effet du processus sonore : C'est la morphogénèse d'un processus spirituel complexe.. Quel est-donc l'équivalent de ce dernier, chez les animaux et les plantes ? N'est-ce pas le flot des excitations formatives, régulé par l'individualité de l'ensemble, et qui dirige la morphogénèse des parties ? » Les idées des biologistes russes comme Gurvitch, Lioubichtchev, Beklemichev constituent une acquisition gigantesque, qui ont largement devancé leur temps. Leur essence est contenue dans la triade suivante :

1. Les gènes sont duels : ils sont simultanément matière et champ énergétique.
2. Les équivalents de champ des chromosomes marquent l'espace-temps de l'organisme, et par ce moyen ils dirigent le développement des systèmes biologiques.
3. Les gènes possèdent des fonctions de régulation, discursives et esthétiquement figuratives.

La biologie moléculaire, la génétique et l'embryologie, après avoir parcouru un long chemin de développement, ont réalisé une étape déterminée dans la compréhension de ce qu'est la vie. Cette étape était strictement matérialiste, plutôt même matérielle. Dans ce sens les gènes ne sont que matière. Et lorsque l'on a attentivement étudié cette matière, en révélant ce qu'on désigne par code génétique, il s'est avéré alors que cela était insuffisant. Le problème clé de la biologie, qui est la continuité des générations, l'hérédité, l'embryogénèse n'a pas été résolue : elle est dans une impasse, mais d'un degré supérieur. La situation nous rappelle l'état de la physique classique du début du XX siècle, lorsque la découverte des particules élémentaires de la matière a fait, en quelque sorte, disparaître {4} celle-ci, ne laissant quelque chose que l'on a appelé « *l'énergie* ». Il en va de même dans la biologie : plus on comprend profondément, selon le dogme central communément accepté de l'ADN-ARN-Protéine, plus nous nous éloignons de la stratégie du génome, dans la construction des systèmes biologiques. Si la physique a adopté, dans la dignité, les paradoxes « *ici et là-bas simultanément* », « *l'onde et la particule sont superposables* », « *l'électron résonne dans tout l'Univers* », « *Le vide n'est rien, mais il engendre tout* », etc., la biologie doit encore parcourir un chemin comparable (Le Tao de la Biologie), et ce chemin sera bien plus ardu. En fait nous sommes déjà sur ce chemin en nous étant souvenu à temps des pensées de Gurvitch, Lioubichtchev et Beklemichev.

Notre but a été et demeure toujours de développer leur triade conceptuelle, dans le contexte des connaissances présentes des résultats que nous avons obtenus en théorie, et dans la pratique de nos recherches, et par l'utilisation des mécanismes et des moyens techniques de la rectification ondulatoire des systèmes biologiques.

Le but de ce travail :

Il s'agit de montrer la possibilité de la dualité de l'interprétation du fonctionnement du génome des eucaryotes, dans les plans de la matière et du champ, dans le cadre de modèles physico-mathématiques, unissant le formalisme du phénomène de création de solitons dans l'ADN, selon l'exemple du phénomène d'onde en retour de Fermi-Pasta-Oulam, mais également par les mémoires

holographiques et autres du continuum chromosomique, en tant que bioordinateur, lié à la volonté du Créateur.

Montrer la possibilité de fonctionnement du génome des eucaryotes en régimes habituels et « anormaux » par l'utilisation de matrices ondulatoires et sémiotiques du génome, mais également de la composante endogène ou exogène (dépendantes du Créateur) sémiotique et linguistique.

Trouver des preuves expérimentales de la justesse de la théorie ici proposée, des matrices ondulatoires figuratives linguistiques, en tant que structures stratégiques de régulation du métabolisme des êtres supérieurs.

L'orientation pratique de la présente étude

Elle consiste en une vérification théorique et expérimentale du phénomène du repli, de la transposition et de l'introduction par résonance, de l'information super génétique, d'un donneur biologique à un accepteur. Dans ce déroulement les signaux épi génétiques transmis peuvent exister comme des solitons acoustiques et électromagnétiques dans le cadre du phénomène du retour de Fermi-Pasta Ulam (FPU) et ils peuvent s'inclure dans des séquences sémantiques sémiotiques des structures génétiques, qui se manifestent également sous forme d'excitations de solitons.

Elle consiste aussi en la confirmation théorique et expérimentale de l'unicité de la structure fractale de la parole humaine et des structures textuelles des molécules génétiques d'ADN et ARN. Cette position a posé les bases pour l'élaboration des premières étapes de la méthodologie d'introduction de structures quasi verbales de régulation sous forme de solitons modulés électromagnétiques, directement dans le génome des plantes.

Elle consiste également en la confirmation théorique et expérimentale de la faisabilité de création d'équipements artificiels à base de logique ADN (bioordinateur) utilisant des principes de mémoires ondulatoires (holographiques et autres) comparables par leur principe et performances à celles des systèmes biologiques.

Elle consiste enfin en la création de moyens d'intrusion douce de régulation, dans des régions sémiotiques, jusque là inexplorées, du génome des systèmes biologiques supérieurs, dans un but thérapeutique, et d'hybridation, mais aussi pour le prolongement de la vie des personnes, et la formation de l'organisme humain en tant que structure stabilisée, harmonieuse, résistante aux facteurs défavorables. {5}

Nous avons proposé ci-dessus l'hypothèse d'une hiérarchie épigénétique du codage des niveaux d'organisation de l'ADN des chromosomes et des matrices extracellulaires des systèmes biologiques supérieurs, et leur participation à la synthèse des constructions ondulatoires sémiotiques fractales, utilisées par les systèmes biologiques pour leur propre organisation [25]. La dynamique non-linéaire (acoustique) et le rayonnement électromagnétique associé des structures biologiques indiquées, in-vivo, ne sont pas le fait du hasard, ils sont corrélés, ils portent l'empreinte sémiotique (entre autre semblable à la parole). Ils reflètent de façon isomorphe les états structurels et fonctionnels de chacun des sous-systèmes cellulaires et tissulaires en cours d'échange ondulatoires. Dans l'espace-temps des organismes, dans un régime épigénétique, il se produit un échange d'information le long de canaux physiques, par des oscillations non-linéaires acoustiques et électromagnétiques. Ce faisant, la composante stratégique des séquences

ondulatoires sémiotiques observées est constituée par le rayonnement acoustique et électromagnétique du matériel génétique du système biologique dans son ensemble. Dans le présent ouvrage les points de vue avancés sont la présentation des états ondulatoires (les champs physiques propres) de l'organisme et une tentative de comprendre de la signification biologique du phénomène de génération de signaux intracellulaires et intercellulaires, en tant que fondement ondulatoire et matériel d'auto organisation des systèmes vivants

Revue du code génétique

Il s'est créé à notre époque une situation paradoxale, avec le modèle de code génétique, qui est le sommet des découvertes de la biologie moléculaire des années 60. Curieusement l'exactitude du codage des séquences des acides aminés des protéines, dans ce modèle, est compatible avec la double dégénérescence du code proposé, sur les lignes de surabondances des ARN de transport (ARNt) par rapport au nombre des acides aminés et l'ambiguïté de correspondance codon-anticodon, alors que seulement deux (et non trois) des nucléotides des triplets ARNm ont besoin d'un appariement précis avec la paire d'anticodons de l'ARNt. La Nature admet pour le 3^{ème} nucléotide un appariement flou, dit oscillant, (wobbling, en anglais) selon l'hypothèse de F. Crick [4]. Cela signifie que certains anticodons seraient capables de « reconnaître » plus d'un codon, selon la base qui se trouve sur la première position de l'anticodon, qui correspond à la troisième position du nucléotide, en tenant compte de leur interaction complémentaire antiparallèle. Une telle « reconnaissance » est « fautive » si l'on suit le paradigme du code génétique car surgissent alors des paires non canoniques des bases « Adénine-Guanine », « Uracile-Cytosine », et d'autres, avec des liaisons hydrogène défavorables. Le « Code », devient à un tel point dégénératif, particulièrement celui des mitochondries, et la suite logique : les aléas croissants de l'inclusion des acides aminés dans la chaîne peptidique rendent la notion de codage complètement insignifiante.

Nous pouvons citer un extrait du livre de Albert Watson et d'autres « *La biologie moléculaire de la cellule* » [20] (Un chapitre au nom caractéristique : « *Le génome de mitochondries possède une série de particularités surprenantes* ») : « *Dans les mitochondries les règles d'appariement des codons aux anticodons sont respectées moins strictement, et de nombreuses molécules d'ARNt sont capables de reconnaître n'importe lequel des quatre nucléotides en troisième position (ambiguë)* »⁵. C'est cette « *moindre rigueur* » {6} qui semblerait incompatible avec le contrôle par le métabolisme réel de l'ordre des séquences des acides aminés dans

⁵ B. Albert, D. Brei, J. Louis, M. Raff, K. Roberts, J. Watson. La biologie moléculaire de la cellule. Moscou 1994, page 490

(Альбертс Б., Брей Д., Льюис Дж., Рэфф М., Робертс К., Уотсон Дж. Молекулярная биология клетки. М., 1994. Т.1С.490.)

les protéines, et qui mérite une attention rigoureuse. Cette « *moindre rigueur* » n'est pas un hasard. Elle est même nécessaire aux systèmes biologiques.

La précision de la synthèse protéique est élevée et conservative dans l'intérêt de l'évolution : mais peut elle être atteinte par ce genre « cryptographie », lorsque le « *signe* » (le codon) et le « *signifié* » (l'acide aminé) ne sont pas toujours isomorphes, s'ils sont ambigus ? Si l'on s'en tient à l'ancien dogme du code génétique, il serait logique de penser que deux acides aminés distincts, codés par deux nucléotides (le troisième n'a pas d'importance) identiques des codons ARNm, auront la même probabilité d'être inclus dans la chaîne peptidique, donc au hasard. On compte six des telles ambiguïtés d'appariement, même hors du code des mitochondries, si on ne compte pas les deux correspondant aux codons-stop (Ne sont-ils pas un « *non-sens* » en soi). Est-ce à dire qu'il existerait des « *indulgences d'autorisation* » pour des substitutions privées et aléatoires des acides aminés lors de la synthèse des protéines ? Or on sait que de telles substitutions ont, dans la plupart des cas, les pires conséquences pour l'organisme (anémie falciforme, thalassémie, etc..). Une contradiction est évidente : Une relation univoque (non ambiguë) entre « *signe* » et « *signifié* » (codon-acide aminé) est indispensable mais le code inventé par les gens ne l'assure pas.

C'est pourquoi la représentation existante et communément acceptée des mécanismes emblématiques de la synthèse des protéines nécessite une analyse supplémentaire. C'est en relation avec cela que nous allons observer méticuleusement les propositions faites dans les années 60, sur les principes du codage génétique. Comment les étrangetés évidentes précédemment énumérées ont été évaluées par les auteurs de la théorie et des expérimentations, dans ce domaine, F. Crick, M. Nierenberg et leurs disciples ? Le nœud principal des contradictions sont les correspondances ambiguës (codon-acide aminé), reproduites dans le tableau suivant.

Les correspondances ambiguës et la bidimensionnalité synonymo-homonymique du code génétique

{7}

Synonymie	Asp	Glu	Lys	Gln	Gln	Gis	Leu	Phe	Ileu	Met
	GA _C GA _U	GA _A GA _G	AA _C AA _U	AA _A AA _G	CA _A CA _G	CA _C CA _U	UU _A UU _G	UU _C UU _U	AU _A AU _C AU _U	AU _G
Homonymie	Arg	Ser	Trp	Stop	Tyr	Stop				
	AG _A AG _G	AG _C AG _U	UG _G	UG _A	UA _C UA _U	UA _A UA _G				

Correspondances ambiguës et bi dimensionnalité synonymo-homonymique du code

L'homonymie

On voit que les paires de divers acides aminés sont codées par des doublets signifiants identiques de nucléotides des codons (Les nucléotides peu significatifs « *wobbling* » selon F. Crick [4], et carrément non lisibles, selon Lagerkvist [11], sont déplacés en position d'indice). En terminologie linguistique ce phénomène s'appelle **l'homonymie**. Lorsque le même mot possède des sens différents (par exemple « *verre* » ou « *bois* », etc.). D'autre part, les codons distincts, en excès, désignant le même acide aminé, sont depuis longtemps considérés comme **synonymiques**.

Par contre nous ne connaissons pas d'avis dans la littérature à propos de l'homonymie du code génétique. De cette façon, si on considère les codons doublets ou triplets comme des « *mots* », alors le code lui-même s'avère être bidimensionnel, autrement dit **homonymo-synonymique**. Selon ces dimensions, le code se scinde en familles appariées excédentaires, comme cela apparaît dans ces tableaux, mais ambiguës, qui codent pour des acides aminés distincts. Seulement dans deux cas sur six, les doublets homonymes désignent des acides aminés comparables par leur structure et leur fonction (l'acide asparagique et l'acide glutamique ; l'asparagine et la lysine). En conséquence lors d'un choix univoque (non ambigu) des acides aminés, la probabilité est grande d'une synthèse anormale des protéines, si l'on suit la logique du modèle communément accepté du code. La plupart de ces doutes et suggestions pour le futur, ont été évoqués dans une forme atténuée dans l'article généralisant de F. Crick et M. Nierenberg : « **Le code génétique** »⁶. Nous allons citer littéralement les auteurs, du fait de l'importance stratégique des principes du code génétique, objet de cette discussion :

Page 133 : « *La protéine...constitue comme une longue proposition écrite à l'aide de 20 lettres* ». Voici l'une des premières et fécondes comparaisons des protéines, et par la suite de l'ADN avec des textes de langues naturelles, qui ont été acceptées partout comme métaphoriques. Par la suite nous les avons développées et formalisées en qualité de formations quasiment de paroles [14, 25, 26, 29]. Dans cette analogie remarquable se trouve le germe de la future sortie de la conception plate et en impasse de la nature des gènes, le précurseur de la notion des codes figuratifs (le mot est comme une figure), et ceci se coordonne avec les idées de Gurvitch, Lioubichtchev et Beklemichev, qui avaient vu également dans les chromosomes des structures potentielles, ondulatoires figuratives et même esthétiques, en qualité d'une origine fondatrice des systèmes biologiques. Dès 1925, A. A. Lioubichtchev avait exprimé l'hypothèse que les gènes ne constituent pas une mosaïque mais une unité harmonique comparable à un chœur [47]. À sa suite, en 1928, V. N. Beklemichev a développé cette idée, bien que sous forme d'aphorisme, avec une prédiction géante, devançant sur des décennies l'analogie de Crick et Nierenberg à propos des protéines ressemblant à des « *propositions* ». Il a comparé l'embryogénèse simultanément {8} avec la musique et la parole dans lesquelles, tout comme dans des tissus qui se différencient, il existe des propriétés « *anatomiques* », des signes d'étapes : la hauteur et l'intensité du son, les harmoniques, etc. ainsi que des propriétés « *embryogénétiques* » ontogénétiques, des signes de l'avancement du processus : le rythme, la mélodie, etc.. Les changements s'accumulent dans un corps en développement, alors que les changements dans le flot musical se

⁶ Les succès des Sciences physiques. Moscou 1964, édition 1 tome LXXXII. Page 133-160
Успехи физических наук. М., 1964. Вып.1. Т. LXXXII. С.133 –160.

substituent sans laisser de trace. Mais le véritable sujet de développement dans la musique est constitué par l'impression esthétique, qui croît et se développe sous l'effet des sonorités. C'est l'embryogénèse d'un organisme complexe spirituel. À ce stade V. N. Beklemichev demande : « *quel est l'équivalent de cela chez les plantes et les animaux ? Ne serait-ce pas le flot d'excitations formatives, qui est régulé par l'individualité de l'ensemble et qui conduit la morphogénèse des parties ?* ».

Continuons l'analyse du travail fondateur de F. Crick et Nierenberg qui postulent pour la compréhension du code génétique.

« *...Jusqu'à présent toutes les données expérimentales étaient bien harmonisées avec la supposition générale, que l'information était lue par des triplets des bases, en commençant depuis une extrémité du gène. Cependant nous obtiendrions les mêmes résultats si l'information était lue par des groupes de quatre et même plus de bases. Ou des groupes de bases, constitués de multiples de trois* ». Cette position est presque oubliée, ou bien elle est incomprise, mais c'est là précisément que l'on voit le doute à propos de la certitude d'existence d'un code à triplets. Et ça n'est pas moins important que l'on présente la compréhension future des textes d'ADN et d'ARN, comme des formations fractales porteuses de sens, apparentées aux langues naturelles, ce qui est démontré dans nos recherches [25, 26, 29].

Page 153 : « *..Un acide aminé est codé par plusieurs codons. On appelle un tel code, un code dégénéré.. Une telle dégénérescence de code ne sous-entend pas une quelconque indétermination dans la structure de la protéine... il ne fait qu'indiquer d'un acide aminé déterminé peut être envoyé à une certaine position de la molécule de protéine à l'aide de différents mots du code* ».

Les auteurs voient que la synonymie ne perturbe pas encore l'univocité du code. Mais par la suite : « *.. Mais il existe une possibilité réelle de l'apparition d'une indétermination, lors de la synthèse de la protéine. Cette indétermination pourrait survenir si l'un des mots du code pouvait correspondre à divers acides aminés. Jusqu'à présent on n'a enregistré qu'un seul cas d'une telle indétermination. La protéine synthétisée depuis une poly-U est constituée non seulement de leucine mais aussi de phénylalanine, et à chaque molécule de leucine il correspond 20 à 30 molécules de phénylalanine. En cas d'absence de phénylalanine, dans la solution, poly-U utilise la leucine dans une quantité égale à la moitié de la quantité habituelle utilisée pour la phénylalanine. Il n'y a pas d'explication moléculaire à cette indétermination* ». C'est la première des constatations et elle est très nette, de l'imperfection logique du modèle de codage proposé, de sa contradiction avec les faits. Par la suite les doutes iront croissant.

Page 155 : « *Certains mots du code sont presque certainement constitués de trois bases. Cependant 18 des 20 acides aminés peuvent être codés par des mots ne contenant que deux bases distinctes. Si le code est réellement triple, il est possible que dans certains cas le codage exact aura lieu sous condition que seul deux des trois bases sont lues. Il est possible qu'une telle imperfection apparaisse plus souvent dans des polymères ARN synthétiques, ne contenant qu'une ou deux bases, que dans des ARN intermédiaires naturels {9} qui sont toujours constitués d'un mélange des quatre bases. C'est pourquoi les résultats obtenus à l'aide d'ARN artificiels ne font que témoigner des possibilités de codage de la cellule...* ».

Il est évident qu'il y a un doute sous-jacent à propos du code à triplets, car il pourrait aussi être à doublets ou à quadruplets de bases, et même hétéro-multipletique. Il nous semble que dans le déroulement de ces doutes, les possibilités du codage de la cellule, des chromosomes, de l'ADN ne sont pas épuisés par les

triplets figuratifs des nucléotides. Les acides nucléiques, en tant que structures comparables à la parole, sont capables, dans le volume de la chromatine, de former in vivo des métalangages par la méthode de fractalisation, c'est pourquoi le codage du continuum protéique peut se dérouler à l'aide de blocs volumineux qui ne font pas que coder la séquence d'inclusion des acides aminés dans le peptide, mais aussi la suite de création des domaines protéiques, de sous-unités, et même d'ensembles de structures fonctionnelles de ferments, par exemple ceux de la chaîne respiratoire. Dans ce cas la fractalité peut se comprendre ainsi : l'ADN, l'ARN et les protéines ce seraient des textes de langages distincts. Ce qui était une « *phrase* » ou une « *proposition* », à une certaine échelle, ce ne sera qu'un « *mot* » à une autre échelle. Si on change encore d'échelle, le « *mot* » deviendra une « *lettre* ». Avec une approche plus générale, on pourrait considérer ces structures sémantiques comme des symboles (des hiéroglyphes) qui constitueraient le substrat d'un certain « *métabolisme informatif* » des cellules. Cette voie de formation des métalangages est le propre des mathématiques. Nous n'avons pas de raison de penser que le génome n'utiliserait pas cette « *astuce mathématique* » dans toute sa mesure, en construisant ses domaines semiotico-sémantiques qui se complexifient, avec leurs réimpressions continues, aux divers niveaux de l'organisation des systèmes biologiques, dans le processus de leur développement. Ce faisant, le rôle de la masse des protéines synthétisées dans l'organisme consiste en la réalisation de constructions métaboliques implicitement encodées dans l'ADN et qui possèdent une composante quasi verbale. On peut considérer un système biologique comme la conjonction de telles constructions, et cela trouve une certaine confirmation dans les travaux [25, 26, 29]. Cette forme de raisonnement correspond assez bien avec les représentations de V. V. Nalimov, qui considère tout ce qui vit comme faisant partie de l'Univers Sémantique [49]. En conformité avec cette logique, l'être humain serait une multiplicité de textes, dont nous voudrions saisir la grammaire et la sémantique d'un regard interrogateur probabiliste. V. V. Nalimov suppose que la personnalité est un texte en auto-lecture, un texte capable de se modifier lui-même. En réduisant l'échelle d'observation de l'être humain à un système s'autorégulant, et en tenant compte de la fractalité (qui peut évoluer vers l'holographie) de son continuum chromosomique, on peut considérer que la réimpression inverse de l'être humain vers son propre génome, tout comme la réimpression de tout organisme vers ses chromosomes, possèdent un caractère textuel, figuratif, isomorphe [25, 29]. Le procédé de raisonnement proposé ici est appelé à montrer un moyen de sortie logique, pour sortir des limitations du modèle du code primaire, qui s'est figé dans la phase de faible compréhension des règles orthographiques « *d'écriture* » des « *mots* » des protéines à partir de « *lettre* » d'acides aminés. Si on considère l'idée de la fractalité des constructions sémantiques (textuelles) du génome, et si on admet leur origine Divine, alors il faut souligner que cette idée remonte au VI siècle et elle fut proposée par Dionysos l'Aréopagite dans son ouvrage « *Des noms divins* »⁷. Il dit que l'Empreinte Divine (lire « *les mots* ») est en chacun de nous, et « *les marques de l'Empreinte ont beaucoup en commun avec leur original : l'original est présent en entier en chaque Empreinte, et en aucune des Empreintes il n'est partiel..* ». La particularité de l'Empreinte {10} se détermine par les propriétés du

⁷ Les origines de la culture chrétienne. Saint Petersburg 1995. Page 61.
(Основания христианской культуры. СПб. 1995. С.61.)

matériau constituant l'être humain, recevant l'Empreinte, c'est à dire que potentiellement la totalité, venant d'En Haut, est importée en chacun. Mais il n'est pas dans la possibilité de chacun d'entendre, de voir et de comprendre la totalité de l'Empreinte.

La propriété d'être contradictoire de la conception ancienne du code génétique, semble-t-il, aurait dû inciter à chercher d'autres idées. Au lieu de cela, la priorité a été d'étudier la précision des mécanismes de la synthèse protéique, mais sans le motif principal de cette précision des mécanismes de choix univoque, parmi les doublets-homonymes codants. Voici un échantillon de ces descriptions et discussions, inutiles dans cet aspect, mais précieux pour nous permettre d'illustrer la pseudo logique dans l'appréciation de l'essentiel dans le code génétique [20] : «...la précision de la synthèse protéique dépend de la fiabilité de deux mécanismes adaptatifs : de la ligature de chaque acide aminé avec la molécule ARNt correspondante, et de l'appariement des codons de l'ARNm avec les anticodons ARNt. Les deux mécanismes qui agissent à ces étapes sont totalement différents. De nombreuses aminoacyl-ARNt-synthétases possèdent deux centres actifs : l'un d'eux est responsable de la réaction d'attache de l'acide aminé à l'ARNt, et l'autre qui doit reconnaître un acide aminé «inconvenant» et l'éliminer par hydrolyse. La précision de l'appariement du codon avec l'anticodon est assurée par un mécanisme plus fin de « correction cinétique ». Après que les molécules d'ARNt auront attaché l'acide aminé correspondant, elles constituent un complexe à l'aide d'une protéine particulière, dite facteur d'élongation (EF), qui le lie efficacement à la terminaison aminoacyl de l'ARNt, et la molécule GTP. Le EF lié de cette façon assure la possibilité d'un appariement convenable de l'anticodon avec le codon, mais ce faisant il s'oppose à l'inclusion de l'acide aminé donné dans le peptide en construction. La reconnaissance initiale du codon sert de signal à EF pour l'hydrolyse du GTP, jusqu'à GTP+P, après quoi EF se détache du ribosome sans l'ARNt et la synthèse de la protéine se poursuit. Grâce à EF il apparaît un court délai entre l'appariement du codon avec l'anticodon et l'élongation du peptide, ce qui permet à l'ARNt de se détacher du ribosome. La molécule « erronée » de ARNt forme dans la paire codon-anticodon une liaison hydrogène plus faible que la liaison « convenable ». C'est pourquoi elle est plus faiblement retenue sur le ribosome, et c'est pourquoi dans cet intervalle de temps, elle a plus de chances de se détacher ».

En commentant cet assez long extrait, important pour nous, on peut dire que l'accent est mis sur une reconnaissance mutuelle de l'ARNt et des acides aminés, par le truchement de l'aminoacyl-ARNt-synthétase. Son mécanisme n'est pas clair. Pour ce qui est de la précision de reconnaissance de l'anticodon par le codon, elle est illusoire du fait de la « vobulation » du troisième nucléotide. Ce que nous avons déjà commenté. Il apparaît que le choix entre les codons-homonymes à doublets se réalise par des mécanismes de résonance ondulatoire, de contexte (associatifs et holographique) et par ce qu'on appelle des « mécanismes de fond » (voir ci-dessous). Jusqu'à présent ils se trouvaient hors des expérimentations et des discussions, mais désormais la nécessité de le faire est évidente. L'homonymie (l'ambiguïté) du code peut être surmontée de la même manière que cela se passe dans les langues naturelles, par le placement de l'homonyme, en tant que partie dans son ensemble, c'est à dire dans la phrase complète, dont le contexte déchiffre l'homonyme et lui attache un sens unique, créant ainsi l'univocité. C'est pourquoi l'ARNt, dans son rôle d'une espèce de « phrase » ou de « proposition » doit travailler dans la synthèse de la protéine, comme un ensemble fonctionnel de codage qui impose la suite des acides aminés au niveau des ARNt aminoacylés associés, qui

interagissent complémentirement avec la molécule entière d'ARNt. {11}
Simultanément le rôle des secteurs A-P du ribosome, s'ils sont réels, consiste dans l'acceptation d'associés précurseurs de la protéine, avec une ligature enzymatique des acides aminés dans la chaîne peptidique. Dans ce cas il se passera un choix univoque, orienté par le contexte, des précédents codons-doublés homonymes. On peut prédire dans ce cas que l'interaction des ARNt aminoacylés avec l'ARNm possède un caractère collectif de phase selon le type de réassociation (« *recuit* ») des ADN monobrinés lors de la baisse de température après « *fusion* » du poly nucléotide natif. Existe-t-il des données expérimentales qu'il serait possible d'interpréter dans cet esprit ? Ils ne manquent pas et ils sont répertoriés dans l'étude analytique [52]. En voici quelques uns:

Il est connu que l'exactitude de la reconnaissance des codons terminaux par les molécules d'ARNt, dépend de leur entourage contextuel, en particulier de la présence de l'Uridine après le codon-stop, en outre dans l'ouvrage⁸ on insiste sur la particularité suivante : l'introduction d'une ligne de 9 codons rares CUA-Lysine après le 13^{ième}, dans un groupe de 313 codons, de l'ARNm testé, va fortement inhiber leur traduction, sans pour autant influencer sur la traduction d'autres ARNm, contenant des codons CUA. Par contre une ligne de 9 codons fréquemment utilisée CUG-Lysine, dans les mêmes positions n'avait pas d'effet notable sur la transcription. Et les codons, rares ou fréquents, n'avaient pas d'effet sensible s'ils étaient placés après les codons 223 ou 307. Des expériences complémentaires ont démontré que le fort effet positionnel des codons rares utilisés, ne saurait être expliqué par une différence de la stabilité de l'ARNm ou par le degré de rigueur du choix des ARNt correspondants. L'effet positionnel devient compréhensible, d'après les auteurs, si l'on admet que les séquences traduites deviennent moins stables près de l'origine du décodage : Le ralentissement de la transcription se réalise par le fait d'une moindre utilisation des codons, qui précèdent dans l'annonce, ce qui entraîne la désintégration des produits de la transcription, avant que ne soit terminée la transcription complète. Nous voyons que pour l'interprétation de leurs expériences on utilise des suppositions encombrantes, qui ne découlent pas de leur travail, et qui demandent d'autres recherches fines et spéciales. Dans ce sens notre idée d'une orientation par le contexte, de la conduite de la synthèse protéique, est simple, bien qu'il ne soit pas simple de la démontrer expérimentalement. Le travail cité éclaire très bien la ligne stratégique d'influence des inclusions de codons dans l'ARNm, strictement identifiées et localisées loin du point de formation de la liaison peptidique, sur l'inclusion ou le refus d'inclusion d'un acide aminé donné dans le corps de la protéine en cours de construction. C'est précisément l'influence **à distance**, mais dans le travail cité on ne fait que le constater, tout en restant incompris pour les chercheurs, c'est pourquoi il n'y a pas de discussion à son sujet. Il y a de plus en plus de tels travaux. Dans celui que nous citons il y a les références d'une demi douzaine de travaux analogues, dont l'interprétation dans ce sens est également difficile. La cause en est l'imperfection du modèle du code génétique communément

⁸ Goldman E., Rosenberg A.H., Zubay G., Studier F.W. les suites de codons de Lysine, rares, bloquent la transcription, seulement lorsqu'ils se trouvent à proximité de la terminaison 5' de l'annonce d'Escherichia Coli // Journal of molecular biology 1995, Vol 245, p467-473.

(Goldman E., Rosenberg A.H., Zubay G., Studier F.W. Последовательности повторяющихся редко используемых лейциновых кодонов блокируют трансляцию только тогда, когда они находятся около 5' конца сообщения в Escherichia Coli. // J. Mol. Biol. 1995. V.245. P.467 – 473)

admis. C'est également vrai à cause de données sur l'existence d'un codon rallongé (swollen) [52] : Dans l'interaction ARNt-ARNm dans le site-A du ribosome, il y participe non pas trois mais un nombre plus grand de paires de bases. Cela signifie que le postulat universellement accepté du code à triplets est transgressé également ici. C'est également dans [52] que sont rapportés les résultats d'un travail sur l'interaction ARNt-ARNm sur le ribosome, et cela correspond à notre idée sur l'associé d'ARNt aminoacylés en tant que précurseur {12} de la protéine. Dans [52] on exprime l'idée que l'effet de l'action du contexte ARNm sur une inclusion univoque des acides aminés dans le peptide, est un reflet de certaines lois fondamentales et encore peu étudiées du décodage de l'information génétique dans le processus de la synthèse protéique. Dans le travail de Ulf Lagerkvist [11] la « wobble » hypothèse de F. Crick a reçu une interprétation élargie et une expression limite, selon laquelle le nucléotide en troisième position du codon ARNm serait superflu, inconsistant, surnuméraire, sa présence est ignorée, et c'est pourquoi la lecture du codon par l'anticodon se ferait selon la loi « deux sur trois ». Il découle de là une ambiguïté massive de la lecture des ARNm et l'inexactitude des transcriptions des molécules des protéines, ce qui est en contradiction avec les expériences, et cela est constaté dans [52], tout comme dans d'autres études. Il est noté également qu'il existe un certain niveau d'ambiguïtés de la transcription d'ARNm dans la cellule, mais cela ne se laisse pas interpréter facilement. Indépendamment d'une transcription erronée des codons significatifs et de la lecture de codons-stop en tant qu'acides aminés, il se produit, dans le cours de la synthèse protéique, des décalages et des superpositions des fenêtres de lecture, innombrables, normales et rarement erronées. Les erreurs surviennent lors de la lecture de doublets ou de quadruplets de bases en guise de codons. Les mécanismes des décalages des fenêtres de lecture n'ont pratiquement jamais été étudiés. De nombreuses études montrent que les erreurs de transcription protéiques par le ribosome sont dues à divers facteurs comme des antibiotiques, un changement de température, une concentration anormale de cations, un manque d'acides aminés, et d'autres conditions du milieu extérieur. Une ambiguïté élevée de la transcription des codons, localisés dans un certain contexte, a une signification biologique, et entraîne une distribution non aléatoire des acides aminés « erronés » le long du peptide en cours de formation. Ce qui entraîne une modification de la fonction de la protéine, avec comme conséquence des mécanismes de différenciation cellulaires. C'est pourquoi les contextes d'ARNm sont le substrat de la sélection naturelle. Un niveau optimal d'« erreurs » (si ce sont véritablement des erreurs) est régulé par des mécanismes inconnus qui sont justifiés par l'évolution et ontogénétiquement [52]. Il leur correspond nos données expérimentales et théoriques [8-18] concernant les interactions emblématiques ondulatoires dans le milieu aqueux et cristal-liquide de la cellule, dans lequel est impliqué l'appareil de synthèse protéique. Nous avons découvert des fréquences de résonance, communes à l'ADN, aux ribosomes et au collagène. Elles ont probablement une nature emblématique biologique. De même nous avons découvert la faculté des chromosomes et de l'ADN d'être un milieu actif laser [18].

Revenons à nouveau aux notions communément admises du code génétique : Il est de nature à triplets, non superposable, dégénéré, il ne possède pas de « virgules », c'est à dire que les codons n'ont pas de séparateurs. Et enfin il est universel. Que reste-t-il de ces propositions ? Pratiquement rien. En fait le code est visiblement une formation fractale et hétéro multiplétique, à deux, trois, quatre, n lettres. Il est superposable. Il possède des virgules, puisque les hétéro-codons peuvent être séparés entre eux par des séquences ayant une autre fonctionnalité, y

compris par une fonction de ponctuation. Le code n'est pas universel puisque dans les mitochondries il acquiert des traits particuliers. Comment comprendre le code génétique, en tenant compte des contradictions énumérées ici, et de la logique de raisonnement qui est la notre ?

Pour lever ces contradictions on peut postuler pour une version **qualitative, simplifiée, primaire** d'une régulation ondulatoire et matérielle de l'ordre d'arrangement {13} des acides aminés dans l'associé des ARNt aminoacylés, en tant que précurseur de la protéine. Il est plus facile de comprendre à partir de ce point de vue, le travail du code génétique (ou plutôt protéique) comme l'un des nombreux programmes hiérarchiques d'autoorganisation matérielle et ondulatoire des systèmes biologiques. Dans ce sens un tel code constitue la première étape des plans chromosomiques de construction du système biologique, puisque le langage du génome est multidimensionnel, pluraliste, et n'est pas épuisé par le problème de la synthèse des protéines. Nous travaillons à présent à l'élaboration d'une nouvelle version d'une description plus détaillée du fonctionnement de l'appareil de synthèse protéique, confirmée expérimentalement et formalisée mathématiquement. Mais il faut reconnaître que c'est là le problème des XXI et XXII siècles.

Les orientations fondamentales de ce modèle des processus emblématiques matérielle-ondulatoires accompagnant la synthèse biologique des protéines sont exposées dans ce qui suit :

1-L'appareil de synthèse protéique est à composants multiples, incluant ribosome, nucléotides et protéines. C'est un système de génération de rayonnements semiotico-sémantiques, emblématiques, hautement organisés, de champs électromagnétiques et acoustiques qui régulent stratégiquement son autoorganisation, et l'ordre d'inclusion des acides aminés dans les chaînes peptidiques.

2-Les pools d'ARNt aminoacylés sont associés dans la séquence, avec les précurseurs des protéines synthétisées, avant leur contact avec l'intervalle A-P du ribosome. Cependant le continuum des anticodons du pool est complémentaire de tout l'ARNm, sauf pour les dislocations déterminées par la présence de paires de nucléotides non canoniques.

3-L'ordre de séquençement des ARNt aminoacylés dans les précurseurs-associés de protéine est déterminé par des résonances emblématiques collectives de tous les participants à la synthèse des suites d'acides aminés. Les matrices ondulatoires clés sont le préARNm ainsi que l'ARNm qui fonctionnent comme un continuum uni d'hétéro-poly-codons de tailles différentes, incluant la fraction d'introns du préARNm, en tant que macro contextes possibles. La fonction principale des matrices ondulatoires serait une orientation associative et contextuelle des séquences d'ARNt aminoacylés, une orientation qui, bien plus que la « *wobble hypothèse* », veut ignorer les règles canoniques d'appariement des nucléotides dans l'espace ARNm-ARNt.

4-Sur le ribosome, en complément ou/et en parallèle, des régulations par résonance de la disposition réciproque du continuum des codon-anticodons, fonctionnent des rayonnements de type laser des participants au processus, qui corrigent l'ordre d'inclusion des restes d'acides aminés dans le peptide.

5-Le ribosome fixe par covalence enzymatique « *de juré* » les liaisons peptidiques des séquences d'acides aminés, fixées « *de facto* » dans l'associé polyacides aminés-poly-ARNt, en tant que précurseur de la protéine.

6-La « *censure* » par résonance et ondulatoire de l'ordre d'inclusion des acides aminés dans la chaîne peptidique supprime l'arbitraire sémantique de la

création de « *propositions* » protéiques erronées, provenant de l'homonymie des familles des codons et assure leur « *intelligence d'acides aminés* » au prix d'une levée contextuelle de l'homonymie des doublets identiques, ambigus dans les codons. Ce même mécanisme fonctionne lors d'ambiguïtés de plus grand ordre, lorsque le nombre de codons est $(n+1)$.

7-La dégénération du code génétique est indispensable pour un choix préARNm-ARNm dépendant, convenable, guidé par le contexte des ARNt aminoacylés, déterminé par le caractère des interactions ondulatoires, associatives, de résonance, dans l'appareil de synthèse protéique. {14}

8-L'un des processus de création de séquences infaillibles des ARNt aminoacylés sur les matrices préARNm-ARNm peut être considéré comme un cas particulier d'une réassociation partiellement complémentaire d'ADN-ADN monobrin ou ARN-ARN, ou dans le cas plus général comme un acte d'autoassemblage connu pour les ribosomes, les chromosomes, les membranes et d'autres structures cellulaires moléculaires et sur-moléculaires.

Ainsi le rôle de l'ARNm est dual : cette molécule, tout comme l'ADN, signale dans l'évolution un événement nodal qui est mutuellement complémentaire de la stratification synergique de l'information génétique matérielle et ondulatoire. L'ambiguïté du codage matériel est levée par la prééminence de l'ondulatoire, qui se réalise probablement dans les mécanismes des résonances collectives et les effets de laser et holographiques (associatifs, de contexte) dans le continuum cellulaire et tissulaire [25, 26, 29]. Ici le méga-contexte est constitué par l'Origine Divine. Le saut vers une régulation plus élaborée, ondulatoire de la transcription ARN -> protéine s'accompagne d'un refus partiel ou total de la règle canonique d'appariement de l'Adénine avec Uracile (Thymine), et de la Guanine avec Cytosine, qui sont le propre des étapes retenues par la sélection, de la réplication de l'ADN et la transcription de l'ARN. Un tel refus n'est pas favorable du point de vue énergétique, à petite échelle, mais il est indispensable sur le plan de l'information, et il est inévitable et préférable énergétiquement au niveau de l'organisme entier.

Nous devons particulièrement souligner que les mécanismes contextuels associatifs et holographiques du travail de l'appareil de synthèse protéique des organismes sont très étroitement liés avec ce qu'on nomme « *le Principe de Fond* », qui s'est avéré être universel, et qui a été l'objet d'une découverte majeure [50]. De ce point de vue, les macrocontextes des ARN de préinformation et les contextes d'information d'ARN peuvent être considéré comme un fond, qui assure une amplification du signal, c'est à dire du choix, parmi deux ARNt aminoacylés, qui doit entrer dans la « *phrase* » ou le « *mot* » protéique. Ce choix n'est possible qu'après l'expression d'une composante cohérente sous forme de la répétition des conceptualisations des codons. Cette situation peut être expliquée par un exemple simple. Disons que dans une proposition il faille choisir entre deux mots (une analogie avec des codons à doublets-homonymes). Ces mots seraient « *tic* » et « *tir* ». Il est clair que le choix dépend de l'ensemble de la proposition, qui se manifeste comme le fond, permettant d'exprimer le signal : désigner le mot juste. Si la proposition est : « *ce tic nerveux était incontrôlable* », alors le remplacement du mot « *tic* » par « *tir* » correspondrait à l'introduction d'un bruit et à la perte du signal. Il est vraisemblable que le rôle est semblable pour les ARN de préinformation et les introns : Il s'agit de niveaux de contexte différents, qui doivent être « *lus* » et « *conceptualisés* » d'une certaine façon, par la cellule vivante. « *L'objet de la lecture* » pourrait être la famille des solitons, à visages multiples : optiques, acoustiques, de conformation, oscillo-rotatoires et d'autres.

Les fonctions de tels solitons peuvent apparaître comme des moyens de régulation des interactions emblématiques entre codons et anticodons. Parmi les moyens possibles on peut citer le mécanisme à solitons, d'oscillations rotatives des nucléotides sur l'axe sucre-phosphate de l'ARNm, que nous avons étudié pour les ARN monobrans (singleton), semblables à des sections de l'ADN [24]. Ce mécanisme « mémorise » la séquence des nucléotides et il pourrait probablement transmettre cette information à distance, c'est à dire sur des distances sensiblement plus longues que les liaisons hydrogène. La réalisation de la {15} régulation liée au contexte dans la synthèse des protéines est impossible sans une transmission (ondulatoire) à longue distance du signal des séquences préARNm-ARNm. La continuité ondulatoire est ici indispensable, et directement liée à l'apport de l'Origine Divine, en tant que **méga contexte**, apparaissant sous la forme de l'environnement naturel, électromagnétique et acoustique de la sphère terrestre. Une vérification élémentaire de ces hypothèses peut être réalisée par un procédé assez simple, d'après les résultats de l'influence électromagnétique et acoustique sur la synthèse des protéines dans les systèmes à ribosomes hors cellule, par exemple en agissant sur l'ADN, à l'aide d'un générateur FPU et des lasers proposés [18, 24, 25, 34, 35].

On peut émettre l'hypothèse que le nombre croissant de cas de ce qu'on appelle « *mort subite* », parmi des personnes en bonne santé, mais demeurant dans des zones de haut niveau de « *smog électromagnétique UHF* », dépend de la perturbation de la régulation ondulatoire fine de la synthèse des protéines. À cette occasion il peut se former des protéines anormales dues au « *choc électromagnétique* », y compris des enzymes du système de synthèse des endorphines (des dérivées endogènes de la Réserpine), qui peuvent se révéler être des cofacteurs anormaux des oxyréductases, capables de bloquer rapidement les processus de production d'énergie, dont la résultante est une fin létale [28 ; et des résultats non publiés].

Extension du modèle du codage ondulatoire génétique

Nous démontrons dans nos recherches {par exemple 25} que la synthèse des protéines n'est qu'un des exemples du codage génétique au niveau ondulatoire, stratégique, et nous traitons la mémoire génétique de façon large, comme une mémoire à solitons et holographique, qui est particulière à l'ordinateur biologique. Nous développons les idées de Gurvitch et de Beklemichev à propos du rayonnement des chromosomes et du « *génome-orchestre* ». Effectivement si on compare « *l'enregistrement* » du futur organisme dans l'ADN de l'œuf avec une partition écrite, alors une phrase musicale est capable de restituer, par association, toute la conjonction des images musicales dans notre mémoire, dès lors que nous aurons entendu au moins une fois cette mélodie. En acceptant cela, nous débouchons sur des représentations d'un codage de la structure de l'organisme, par images, par signes, par les séquences de l'ADN, c'est à dire que ces séquences de nucléotides s'avèrent être en quelque sorte des textes sonores et visibles, mais pas dans un sens poétique et métaphorique, mais de véritables textes en des langues encore inconnues, d'origine Divine, dans un arrangement ondulatoire, au rythme complexe (semblable à une musique). Mais est ce que les chromosomes émettent de la lumière et du son ? Les expériences nous donnent une réponse positive, sans aucune ambiguïté. Les champs acoustiques des chromosomes, engendrés par les

cellules vivantes et leur noyaux, aussi bien que par les préparations d'ADN extraites des chromosomes, sont organisés de façon complexe, et ils peuvent prendre la structure des solitons, mais surtout ils sont capables d'une transmission à distance de l'information ondulatoire génétique [1, 8, 25, 26, 29]. Les molécules génétiques sont duales : Tout en étant matérielles, elles fonctionnent comme des sources de champs physiques sémiotiques. Les chromosomes qui sont la principale figure sémiotique de tout système biologique, se disloquent en des structures multidimensionnelles fractales sémiotiques, de matière et de champ, encodés par l'intention Divine.

Remarquons que les prémices de ces idées et de ces expériences ne sont pas apparues à partir de rien (plus en détail à ce sujet dans [25]). Les premiers, comme nous l'avons déjà dit, ont été Gurvitch, Lioubichtchev, et Bekhmelitchev (dans les années 20 et 40), puis quelques décennies plus tard, à Novossibirsk, A. N. Mossolov en 1980, enfin un groupe de scientifiques de l'Institut de Physique Générale de l'Académie des Sciences en 1984, qui à l'aide d'une microscopie laser ont découvert dans les noyaux des cellules (dans les chromosomes) {16} de neurones, des formes vibrantes (sonores) sphériques. A. N. Mossolov avait supposé qu'ils pouvaient être des sources de champs d'information et de force, génétiques, plus exactement embryonnaires, dans l'esprit des idées de Gurvitch, mais avec une rectification notable : d'abord ce ne sont pas des champs de photons, en outre les émissions acoustiques découvertes par Mossolov, ont une origine holographique⁹. C'était là la première hypothèse clairement formulée des structures sémiotiques, (porteuses de signes) ondulatoires, holographiques du génome de systèmes biologiques supérieurs. Nous avons développé cette hypothèse sur la base de nos propres recherches.

Nous avons suivi une voie quelque peu différente, en essayant de démontrer, aux premières étapes, l'exactitude du modèle physico-mathématique de Englander, proposé en 1980, à propos d'états particuliers des solitons d'ADN. Puis est apparue une multitude de modèles théoriques de solitons, mais personne avant 1991 n'a découvert expérimentalement des solitons sur l'ADN. En 1985 nous sommes parvenu à fixer des oscillations inhabituelles de l'ADN in vitro, (des sons), particulièrement longues à s'amortir, avec une apparence spectrale variable, distribuée d'une façon très particulière dans le temps, par la méthode de spectroscopie de corrélation des photons. Cette observation était à un tel point inhabituelle que nous l'avons d'abord considéré comme une erreur de manipulation, et pour cette raison elle a été oubliée pour six ans, jusqu'au jour où nous avons de nouveau réalisé cette expérience. On a découvert que l'ADN était capable, de manière automatique, (quasi spontanée) de synthétiser « *une mélodie complexe, répétitive, avec des phrases musicales récurrentes* » [8, 28, 29]. De telles répétitions, ressemblaient, par plusieurs de leurs caractéristiques, à un processus à solitons, dans sa forme d'onde en retour de Fermi-Pasta-Oulam (FPU), et les oscillations en elles-mêmes étaient de même nature que celles observées par Mossolov et d'autres.

Quelques précisions à propos de l'effet FPU : Si dans une chaînette d'oscillateurs (pendules), réunis par des ressorts aux caractéristiques non linéaire, on excite l'un de ces oscillateurs, on assiste à l'apparition d'une oscillation

⁹ Mossolov A. N. L'appareil génétique des eucaryotes en tant que structure dynamique unique. (*Мосолов А.Н. Генетический аппарат эукариотов как единая динамическая структура*).

inhabituelle avec des répétitions (des retours d'onde) de l'énergie impulsée initialement. C'est là une espèce de mémoire de tous les systèmes non linéaires, propres aux molécules d'ADN, ce qui est démontré au niveau d'un modèle théorique par A. A. Berezine¹⁰. Mais dans l'ADN une telle mémoire prend une signification particulière, comme l'ont montré nos recherches. Elle est capable de porter une charge sémiotique et fonctionner comme une espèce de « *gène ondulatoire* » des solitons, avec une structure oscillatoire, comparable probablement à des hologrammes [25]. Cependant pour une « *lecture* » sélective in vivo, des hologrammes génétique au niveau des solitons et dans les limites du continuum à cristaux liquides des chromosomes du système biologique, le champ laser de l'appareil chromosomique est indispensable. Nous l'avons cherché pendant de longues années et tenté de le reproduire hors d'une cellule vivante. En principe nous y avons réussi. Nous avons obtenu un rayonnement laser depuis des préparations d'ADN et de chromosomes, par la méthode d'excitation de la luminescence à double photons [14].

Confirmation expérimentale de l'existence des gènes ondulatoires

Parlons des possibilités du niveau ondulatoire (épigénétique et supergénétique) du travail des chromosomes et sa réalisation au travers d'instruments techniques. Le chercheur Zian Kandjen l'avait commencé en 1957, en Chine {17}, et il a poursuivi en Russie dans les années 70, des expériences supergénétiques qui faisaient écho aux prédictions de Gurvitch, Lioubichtchev, et Beklemichev, Dans les années 60, à Novossibirsk, l'académicien V. P. Kaznatcheiev et son école ont commencé des recherches destinées à confirmer les idées des interactions ondulatoires, sémiotiques, distantes intercellulaires. Il a ainsi découvert l'effet cytopathique énantiomorphe, lorsque des cultures de cellules vivantes et de tissus, séparés hermétiquement par une cloison en quartz, semblent échanger des informations ondulatoires liées aux fonctions de l'appareil génétique.

C'est Zian Kandjen qui le premier a commencé des expériences réelles et crédibles dans le domaine de la génétique ondulatoire. Le bilan de ses travaux est connu¹¹. L'appareil de Zian Kandjen qui transmet à distance (des dizaines de cm) les

¹⁰ Berezine A. A. Analyse des principes de formation et de diffusion des impulsions nerveuses du point de vue de la théorie des solitons pour des ligne de transmission longues.. VINITI DEP n° 6852-B86 du 9/9/1986

(Березин А.А. Анализ принципов формирования и распространения нервных импульсов с позиции теории солитонов в длинных линиях передачи. ВИНТИ ДЕП. No 6852-B86. 09.09.1986).

¹¹ Zian Kandjen. Champ électromagnétique : le porteur de l'information génétique biologique.// Aura-Z 1993 n°3 pages 42-54. Brevet 1828665. Procédé de changement des signes héréditaires d'un objet biologique et l'appareillage pour la transmission dirigée de l'information biologique. Déclaration n° 3434801, enregistré le 13/10/1992.

(Дзян Каньджэн, Биоэлектромагнитное поле – материальный носитель биогенетической информации. // Аура-Z. 1993, No3, С.42-54. Патент No1828665. Способ изменения наследственных признаков биологического объекта и устройство для направленной передачи биологической информации. Заявка No 3434801. Приоритет изобретения 30.12.1981г., зарегистрировано 13.10.1992г.)

« *gènes ondulatoires* » du donneur à l'accepteur, utilise le rayonnement propre du donneur, et seulement dans le diapason UHF des champs électromagnétiques, selon l'auteur. La base théorique énoncée par l'auteur, des effets obtenus expérimentalement par cet appareillage, nécessite un net perfectionnement. Cependant les données expérimentales sont convaincantes. Ce sont des « *hybrides ondulatoires* » de blé et de maïs, de tournesol et d'arachide, de concombre et de melon, de canard et de poule, de chèvre et de lapin. Les caractères reçus par les hybrides sont transmissibles à la descendance. Le brillant empiriste qu'est Zian Kandjen n'explique pas les mécanismes fins des effets qu'il a découverts, mais cela n'amointrit aucunement la notoriété de ses résultats, dont l'essence constitue la démonstration de la réalité des gènes ondulatoires.

Modèles théoriques des gènes ondulatoires

Il est apparu une nécessité insistante d'un développement théorique de l'idée d'un génome ondulatoire, d'une compréhension théorique, biologique du fonctionnement des chromosomes et de l'ADN, dans leurs aspects de champ et de matière. Les premières tentatives de résoudre ce problème ont été entreprises par P. P. Gariaev et A. A. Berezine (Département des problèmes théoriques de l'Académie des Sciences de Russie) mais également par A. A. Vassiliev (Institut de Physique de l'Académie des Sciences de Russie). Les fondements de cette théorie ont inclus les principes des rayonnements physiques cohérents, l'holographie, des solitons, la théorie du vide physique, les représentations fractales des structures ADN, et la parole humaine. L'essence de l'idée de Gariaev, Berezine, et Vassiliev, « *le modèle GBV* », consiste dans l'affirmation que le génome des êtres supérieurs serait un ordinateur biologique holographique, qui forme une structure spatio-temporelle des embryons en développement, suivant les cascades des registres des précurseurs sémiotiques ondulatoires. Ce faisant, c'est le continuum des fronts ondulatoires, imposés par les hologrammes multiplexes, formés par le continuum de gel cristallo-liquide chromosomique, qui agit en guise de porteur des gènes de champ. L'acte de « *lecture* » de l'information est réalisé par les chromosomes eux-mêmes, qui génèrent la lumière laser et le son dans un large spectre de fréquences. Les solitons sur l'ADN jouent également un rôle à proximité : une forme particulière de champs acoustiques et électromagnétiques produite par l'appareil génétique de l'organisme, lui-même et capable de réaliser des fonctions d'intermédiaire dans la transmission d'informations de régulation stratégiques entre les cellules, les tissus et les organes du système biologique. Il est important également que les grilles quasi holographiques, y compris {18} celles appartenant aux structures oscillatoires des solitons, ne sont qu'un cas particulier, simple, de l'information de codage sémiotique fixé dans le continuum chromosomique de l'organisme. L'ADN multiplétique dont le code des acides aminés n'est qu'une faible partie et l'ADN « *égoïste* » des chromosomes sont analysés, dans le cadre du modèle GBV, comme un vecteur potentiel, stratégique, d'information de toutes les cellules et tissus de l'organisme y compris du cerveau. Le génome ne travaille pas qu'au niveau matériel mais aussi sur le niveau ondulatoire, « *idéal* » (finement matériel). Cette composante idéale, que l'on pourrait appeler « *continuum des super gène* », est bien la principale figure emblématique du génome, qui assure le développement et la vie de l'être humain, des animaux, des plantes, mais également leur mort naturelle programmée. Simultanément il importe de comprendre qu'il n'y a pas de frontière nette et infranchissable entre les niveaux matériels et ondulatoires des chromosomes. Ils se

forment tous deux par des matrices matérielles, mais les gènes donnent des répliques matérielles sous forme d'ARN et de protéines, alors que les super gènes convertissent les champs physiques endogènes et exogènes qui se déversent sur eux, créant ainsi des structures spatio-temporelles, ondulatoires de repérage. En outre les gènes peuvent être des parties constituantes des réticules holographiques des super gènes, et ainsi réguler leur activité de champ. Enfin les super gènes peuvent se former comme un champ laser d'ADN-ARN-nucléotides modulé par leurs textes.

Dans le modèle GBV une attention particulière doit être attachée au fondement de l'unité de la fractalité (qui se répète elle-même à diverses échelles) de la structure des séquences d'ADN et de la parole humaine. Dès 1990, H. Jeffrey constate que les quatre lettres de l'alphabet génétique (Adénine, Guanine, Cytosine, Thymine) forment des structures géométriques fractales, dans le cadre de ce qu'on nomme la représentation mathématique « *de jeu chaotique* » des séquences de nucléotides¹². Ceci n'a pas induit de réaction particulière de la communauté scientifique. Cependant notre découverte de structures fractales (du point de vue géométrique), semblables à des gènes, dans la parole humaine, et pas seulement dans les suites littérales de textes russes et anglais, mais aussi dans la suite des mots, n'est pas triviale. Bien que l'idée de la fractalité des textes naturels ne soit pas neuve, mais c'est là l'idée d'une fractalité de sens. Dans l'ensemble cette façon de penser est comparable à l'orientation en sémiotique, appelée « *la génétique linguistique* » qui essaie d'expliquer certaines règles de la formation d'hybrides des systèmes biologiques et d'« *hybrides* » de mots. La comparaison désormais courante, mais devancière, de l'ADN et des textes naturels, qui avait prioritairement un caractère métaphorique, devient plus compréhensible. Nous avons développé un modèle de représentation fractale des langues naturelles (humaines) et génétiques [14], qui permet de considérer hypothétiquement que la « *quasi parole* » de l'ADN possède une réserve infinie de « *mots* ». Nous divergeons sensiblement sur ce point avec la représentation communément admise du codage à trois lettres, uniquement, par la molécule d'ADN, des séquences d'acides aminés dans les protéines. Le modèle fractal proposé pourrait être utile pour une comparaison quantitative et sémiotique fine de la structure sémiotique de n'importe quel texte, y compris génétique.

Il est possible d'approcher d'un déchiffrement des constructions sémantiques de l'ADN, et en conséquence, à la construction d'algorithmes d'une commande orale et quasi orale au génome de n'importe quel système biologique, par le truchement d'un appareillage qui simulerait les fonctions ondulatoires sémiotiques de l'appareil génétique. La vérification primaire pratique du modèle GBV dans le domaine {19} des caractéristiques « *de parole* » de l'ADN, a donné des résultats positifs. Tout comme dans les expériences de Zian Kandjen, il a été obtenu un effet direct de transmission et d'insertion de l'information ondulatoire génétique d'un donneur à un accepteur. Puis nous avons créé des générateurs de champs à solitons FPU, dans lesquels il était possible d'introduire des algorithmes de parole, par exemple en russe et en anglais. De telles structures verbales étaient transformées en des champs électromagnétiques modulés de solitons, analogues à ceux que manipulent les

¹² Jeffrey H. Chaos game representation of gene structure. //Nuclei. Acids Research. 1990.V.18. P.2163-2170. 18

cellules, dans leur processus de communication ondulatoire. L'organisme et son appareil génétique « *reconnaît* », dans des conditions peu claires, de telles « *phrases ondulatoires* », comme les siennes propres, et dans de nombreux cas il réagit conformément aux interactions orales de l'homme, venues de l'extérieur. Il n'est pas exclu qu'il y ait un facteur de contrôle exobiologique sur le fonctionnement des structures génétiques, par des canaux de communication analogues. Et pour être précis, ce contrôle serait bien le Fondement Divin. Visiblement le génome n'est pas autosuffisant pour la régulation de l'organisation du système biologique.

Nous avons réussi à obtenir des résultats préliminaires de l'influence des structures verbales codantes, transmises au travers de l'appareillage, sur le génome de plantes-acceptrices. On note le fait de la reconnaissance de la parole humaine, par le génome des plantes, ce qui peut être corrélé avec l'idée de la génétique linguistique à propos de l'analogie profonde des mécanismes de la formation des mots et de la synthèse de la parole pour les chromosomes et les langues humaines. [48]. Cela correspond à l'hypothèse de l'existence d'une protolangue humaine [44], qui fait écho au postulat de linguistique structurale, selon lequel toutes les langues naturelles auraient une grammaire commune universelle native, des profondeurs, invariable pour toutes les langues [51], et probablement pour la langue du génome qui est l'un des leurs. Les données bien connues du déficit des chromosomes, ne permettant pas de pleinement réaliser les programmes de développement de l'organisme dans les conditions d'une isolation artificielle informationnelle de champ, l'évoquent également. Le filtrage ou la déformation des champs externes, naturels, physiques, (signifiants génétiques) induisent des malformations et la mort d'embryons. Cela signifie que la communication des substrats génétiques avec les structures exogènes sémiotiques est absolument indispensable pour un développement harmonieux de l'organisme. Les signaux externes, Divins (ou artificiels), sont porteurs d'une information complémentaire, et peut-être essentielle, pour le continuum génétique de la Terre. Cette idée se confirme dans une certaine mesure par nos expériences directes, qui ont montré que l'ADN dans l'état de cristal liquide, pourrait être une espèce d'antenne pour la réception de signaux d'un caractère nettement artificiel, nettement distinct des rayonnements ordinaires de l'ADN. Ce fait, probablement de nature fondamentale, s'exprime par le fait que les molécules d'ADN, dans le régime de « *réception* », qui dure plus d'une heure, se comportent de façon anormale, en imitant un comportement quasi intelligent au niveau de la dynamique non linéaire du polymère, ce qui s'enregistre par la méthode de la spectroscopie de corrélation laser et une observation directe du mouvement brownien des molécules [10, 15, 25]. Il n'est pas exclu qu'à cette occasion s'expriment des signaux de régulation supérieure des super gènes, destinés à la régulation stratégique des organismes de la Terre.

La considération des structures génétiques en tant qu'antennes ondulatoires cosmiques s'articule assez bien avec les idées de José Arguelliés¹³ concernant le code génétique. Il considère que celui-ci ne décrit qu'une partie du tableau général de la vie et sa partie complémentaire {20} serait la lumière, l'énergie rayonnante. C'est une infrastructure résonante, radiante, un corps lumineux, qui appartient au diapason de rayonnement, qui est régulé par le code de Tsolkine, le module

¹³ Arguelliés José. Le facteur Maya. La voie non technologique. Kiev, 1996, page 271. (Аргуэльес Хосе. Фактор майя (майанский фактор). Вне технологический путь. Киев, 1996. С. 271.)

harmonique Maya¹⁴. En dépistant la « source » de l'énergie radiante, Agouelliés en arrive à penser que ce serait le noyau de notre Galaxie. Les flux de pulsations spirales ainsi rayonnées sont animé de deux mouvements de rotation opposés, et constituent un code contrôlant les propriétés d'auto-transmission et d'auto-transformation de l'énergie radiante. Le code galactique décrit par le module harmonique maya serait la source primordiale qui sature le code de l'ADN et le rempli de vie.

Récemment nous avons reçu encore un témoignage de l'existence des gènes ondulatoires. Nous avons découvert le phénomène de génération d'un spectre électromagnétique à large bande, entre un kHz et un MHz, par des molécules d'ADN, in vitro, dans des conditions particulières. Les préparations d'ADN étaient excitées dans un système particulier de résonateur d'un laser Hélium-Néon, avec une modulation spécifique du faisceau lumineux (longueur d'onde : 632,8nm). Il y a lieu de supposer qu'un tel système de conversion de la partie visible du rayonnement électromagnétique vers le diapason d'ondes radio, est une spécificité des systèmes biologiques, et ils utilisent ces rayonnements faibles en guise de porteurs de l'information génétique ondulatoire (quasi linguistique). Le phénomène de génération d'ondes radio à partir de la lumière rouge s'est avéré être universel, aussi bien pour des matières non organiques, et il est actuellement au stade d'une vérification très poussée. Dès maintenant nous avons repéré une composition spectrale particulière d'ondes radio, générée avec la participation de structures génétiques. On doit supposer que nous avons repéré là l'un des « langages » ondulatoires du génome, dans lequel les acteurs de « lecture » et de « sonorisation » des textes génétiques sont constitués par les ondes à solitons (les breezers) dans l'ADN [25, 40, 42].

Encore une autre confirmation de notre interprétation des fonctions de codage du génome a été obtenue en 1994, par des chercheurs américains [12]. C'est en travaillant sur des séquences « codantes » et « non codantes » d'ADN d'eucaryotes, (dans le cadre de la représentation ancienne des gènes), ce groupe d'étude de Boston est arrivée à la conclusion qui contredit le dogme qui affirme que les fonctions emblématiques ne sont concentrée que dans la partie de l'ADN, codante les protéines. Ils ont appliqué la méthode de l'analyse statistique des textes naturels et musicaux, connu comme la loi de Tzipf- Mandelbrot, et le principe des redondances de l'information des textes, de Shannon, calculé comme l'entropie des textes (À propos de l'entropie des textes et de la statistique de répartition des mot, voir par exemple [17]). Ils ont obtenu comme résultat que les domaines « non codants » de l'ADN sont plus comparables aux langues naturelles que les domaines « codants », et qu'il est vraisemblable que les séquences « non codantes » des molécules génétiques constituent la base de l'un (ou plus) des langages biologiques. En outre les auteurs ont développé un algorithme statistique de recherche de séquences codantes de l'ADN, qui a révélé que les séquences codantes pour les protéines possédaient nettement moins de corrélations à longue distance par rapport

¹⁴ les Maya : un peuple mexicain ancien hautement développé, qui a disparu en 830 de notre ère, et qui a créé un système calendaire d'une précision exclusive,. Ils connaissaient des événements datant de 400 millions d'années.

(Майя – древний высокоразвитый мексиканский народ, закончивший свое существование к 830 г. новой эры и создавший исключительно точную календарную систему. Они знали о событиях, которые уходят на 400 миллионов лет в прошлое.)

aux zones qui séparent ces séquences codantes. La répartition des séquences d'ADN s'est révélée à tel point complexe que les méthodes utilisées cessaient de fonctionner convenablement à partir de longueurs dépassant 10^3 paires de bases. La répartition de Tzipf-Mandelbrot pour la fréquence d'apparition des « mots » ayant de 3 à 8 nucléotides a montré une plus grande similitude au langage naturel des séquences non codantes par rapport aux séquences codantes. Nous soulignons encore une fois que les auteurs comprennent le codage comme un enregistrement {21} de l'information sur les séquences d'acides aminés et rien de plus. C'est là le paradoxe qui les a contraint d'admettre que les régions « non codantes » de l'ADN ça n'est pas simplement du « Junk » (en anglais du « déchet »), mais des structures destinées pour certaine fonctions, avec une destination pour l'instant inconnue. Les corrélations à longue distance ne sont pas comprises par les auteurs également, bien qu'une complexité croissante ait été repérée pour les séquences non codantes, dans l'évolution des systèmes biologiques, ce qui est démontré sur l'exemple de la famille des gènes de la chaîne lourde de myosine, lors du passage des taxons d'évolution faible vers des taxons plus évolués. Ces idées correspondent entièrement à nos idées à propos du fait que précisément les séquences non codantes de l'ADN, c'est à dire 85% du génome, composent le contenu stratégique d'information des chromosomes. Ils ont une nature matérielle-ondulatoire et c'est pourquoi ils sont multidimensionnels, et par leur nature ils constituent un programme de nature embryologique, associatif et sémiotique, ondulatoire et linguistique, une continuation sémantique et une conclusion logique de tout système biologique. Ayant compris cela, les auteurs disent adieu, avec une tristesse nostalgique, au vieux modèle du code génétique, et qui a si bien servi. Mais ils ne proposent, à vrai dire, rien en remplacement.

Encore une particularité fondamentale de l'holographie, extrapolée vers le système biologique, nous éclaire bien dans la compréhension des mécanismes ondulatoires « d'autoanalyse » des systèmes biologiques. Ainsi le « principe de relativité en holographie » découvert par Denissiuik (en holographie Doppler) a révélé la capacité des interférogrammes, qui enregistrent des objets en mouvement dans un espace tridimensionnel, à prédire, en quelque sorte, leur position future. Si l'hologramme Doppler est formé par l'onde, reflétée par l'objet mobile, alors l'onde rendue par un tel hologramme, qui se déplace en sens inverse, se focalise non sur l'objet mais en un point devant lui. Ce qui est substantiel c'est que le point de focalisation de l'onde renvoyée est précisément, dans ce cas, le point où va se placer l'objet dans le temps que mettra l'onde à se propager de l'hologramme jusqu'à l'objet. Il n'y a pas de raison de penser que le principe de relativité de l'holographie ne puisse être appliqué dans le système biologique, dès lors que l'hologramme est déjà utilisé par l'organisme dans la mémoire du cerveau. Ce principe pourrait être un élément d'évaluation de la dynamique des processus métaboliques et de la « surveillance » des déplacements des composants intercellulaires ainsi que de la dynamique des restructurations tissulaires morphogénétiques. Le système Doppler de bio contrôle endogène donne un moyen de précognition élémentaire des événements métaboliques. Une autre particularité des hologrammes, proche des précédentes, vient compléter le tableau : Il est prouvé qu'il est possible de lire des impulsions de signaux depuis un hologramme, avec une structure temporelle et spatiale inversée¹⁵, et il a été démontré que les composants porphyrine de molécules

¹⁵ Zoubov V. A., Kraïsky A. V., Kouznetsova T. I., De l'enregistrement holographique de processus non stationnaires.// Cahiers JETF 1971.. Saari P. M.

si importantes que sont l'hémoglobine et la chlorophylle, piégées dans une matrice de polystyrène, sont capables d'enregistrer holographiquement des impulsions laser distribuées dans le temps. Lors de la relecture, les délais relatifs et la forme temporelle du signal sont restitués. De cette façon, dans le principe, il est possible de se représenter non seulement une « *auto surveillance spatiale* » du système biologique par lui-même, mais un contrôle comparable de la structure du temps individuel, avec une analyse de courts intervalles de temps, dirigés vers le passé et le futur. {22}

Les travaux sur la restitution du signal temporel par l'hologramme sont importants également en tant qu'exemple montrant que les molécules biologiques clés des systèmes vivants peuvent servir en tant que milieu de mémoire de ce genre. Ceci n'est le fait du hasard. Sur Terre la photosynthèse (chlorophylle) et la respiration (hémoglobine) sont les sources primaires de la Vie, alors que la structure du temps est aussi importante que la structure de leur propre espace, pour les systèmes biologiques, et le contrôle de ceux-ci peut se réaliser par le principe fondamental ondulatoire d'interférences et de diffractions.

Les porphyrines ne sont pas le seul porteur biologique de la mémoire holographique. La bactério-rhodopsine, qui est une protéine photosensible, complexe de cellules microbiennes, réalise la même fonction. Le porteur biologique suivant de l'information holographique est le dérivé du collagène de la gélatine. Depuis 1968 ce substrat est devenu l'objet classique de l'étude des mécanismes de formation des grilles holographiques par amplitude et par phase et amplitude, dans divers diapasons des champs électromagnétiques. L'utilisation des dérivés du collagène confirme l'idée discutée ci-dessus, à propos du système des matrices extracellulaires, dont le collagène constitue la base structurelle et fonctionnelle, et qui fonctionne en utilisant sa propre mémoire en interaction avec les champs et/ou il est capable de synthétiser des grilles de diffraction épigénétiques sémiotiques du type des pseudo hologrammes, sans l'utilisation des champs d'interférences.

Il n'est pas exclu que, dans les cellules et les tissus, ce soit le diapason thermique des champs endogènes qui serve pour l'auto scanning et l'écriture. Il est connu que c'est un laser infrarouge à CO₂ (longueur d'onde 10,6 microns) qui sert à l'écriture sur la gélatine, et qui provoque des conformations indélébiles locales sous forme de spirale-pelotte qui sont liées à l'état structurel de l'eau d'hydratation. Mis à part nos recherches, la véracité du paradigme holographique est souverainement confirmé par les travaux de Boudagovsky et Yevseieva, qui ont montré dans expériences directes la possibilité d'une transmission à distance d'un signal holographique, morphogénétique, biologiquement actif, depuis une plante donneur vers un tissu calleux d'une plante accepteur d'une espèce proche¹⁶.

(Зубов В.А., Крайский А.В., Кузнецова Т.И. О голографической записи нестационарных процессов. // Письма в ЖЭТФ. 1971. Т.13. №5. С.443–446; Саару П.М. // Изв. АН СССР. 1986. Т.50. №4. С.751–756.)

¹⁶ A.V. Boudagovsky, R.P. Yevseieva. Les thèses du second symposium international « Les mécanismes d'action des doses ultra-faibles » Moscou 23-26 Mai 1995. Académie des Sciences Russe. Conseil scientifique des problèmes de radiobiologie. Société de radiobiologie. Institut de physique biochimique. Pages 124-125, 125-126.

(Будаговский А. В., Евсеева Р. П. Тезисы 2-го Международного симпозиума “Механизмы действия сверхмалых доз”. М., 23–26 мая 1995г. Российская Академия Наук. Научный Совет по проблемам

D'autres travaux, qui sont une approximation de la réalité des systèmes biologiques, et qui sont corrélés avec ceux énumérés ci-dessus, nous montrent que les gels de collagène possèdent la faculté d'un très lent amortissement de leurs propres oscillations de macro conformation, et donnant, ce faisant, des spectres de Fourier répétitifs, dans des plans différents. Ce que nous avons confirmé et développé dans les plans théorique et expérimental, non seulement pour le collagène mais aussi pour l'ADN et les ribosomes. Ce phénomène pourrait être lié à la formation de solitons, sur les polymères biologiques d'information, sous la forme du phénomène FPU. La propriété du très faible amortissement des oscillations du collagène trouve une confirmation inattendue dans l'électroacoustique des os. On a découvert la génération spontanée d'ondes électriques alternatives, même si elle est mesurée sur des animaux morts depuis plusieurs heures. Il est tentant d'expliquer ce phénomène par les oscillations des fibrilles du collagène, contenues dans la matière de l'os, et de la génération par celles-ci de champs, par le fait de leurs propriétés électriques, connues pour le collagène. Si cela est vrai, alors un autre fait inhabituel trouve son explication : les pellicules intercalaires en collagène, utilisées comme matrice artificielle extracellulaire pour la culture de fibroblastes, provoquent une organisation de mouvements ordonnés des fibroblastes, si on fait des piqûres d'aiguilles dans ces feuilles de collagène. {23} Les fibroblastes se rassemblent dans des patterns rythmiques bien nets dont la cause n'est pas claire. Et là aussi il est possible de découvrir un phénomène du même ordre que celui de la production d'oscillations électriques dans des tissus osseux. Dans les deux cas ont lieu des oscillations quasi spontanées des gels de collagène qui engendrent des champs acoustiques et électriques, qui dans le second cas sont durablement excités par des piqûres. Lorsque des mécanismes de mouvements tissulaires et de cellules sont activés, d'après les programmes de fronts ondulatoires des hologrammes acoustiques et électromagnétiques du système dynamique « *cellule – matrice externe* », avec des composantes cristallo-liquides capables de la mémorisation des champs en interaction, alors le système collagène-fibroblaste devient un modèle élémentaire de relations morphogénétiques entre matrice et tissu.

En théorie, la capacité de stockage d'information des réseaux holographiques est énorme, même dans sa forme binaire, lors d'enregistrement d'oscillations électromagnétiques, car ils portent une information octale. Le volume de la mémoire holographique d'un système biologique (mis à part le cerveau) pourrait être encore plus grand par le fait d'un enregistrement tridimensionnel dans le milieu cristallo-liquide de ce qu'on appelle les hologrammes multiplexes, lorsque varient les rapports d'intensité des faisceaux du socle et de l'objet, et que changent les angles entre eux, ce qu'on peut supposer logiquement dans le milieu mobile tissulaire de l'organisme.

Le décryptage des mécanismes de communication rapide et sans inertie d'importants volumes d'information ondulatoire dans l'organisme, permet d'avoir un autre regard sur les problèmes d'oncologie. En effet il est difficile d'expliquer autrement les expériences connues d'induction de tumeurs par l'implantation dans les tissus de matériaux polis (réfléchissant les ondes) hétérogènes. Les objets rugueux hétérogènes n'induisent que dans 12% de cas, des tumeurs, alors que les mêmes objets, polis comme un miroir, induisent des tumeurs dans 49% des cas.

Dans ce cas les cellules dégénérées, qui donnent les clones des cellules tumorales, apparaissent dans la capsule tissulaire conjonctive qui entoure l'objet étranger, et rarement hors des limites de la capsule. Mais jamais elles n'apparaissent dans la monocouche cellulaire posée directement sur l'implant étranger. Les corps hétérogènes, reflétant les champs endogènes électromagnétiques et acoustiques naturels de l'organisme, constituent des entraves dans la transmission de l'information ondulatoire sur les mécanismes à solitons et holographiques.

Nous avons commencé l'étude de certains phénomènes des formes de vie, difficilement interprétables, comme une des voies de la nouvelle compréhension du génome. Parmi ces phénomènes inhabituels et incompréhensibles (« *anormaux* ») il y a les effets de la mémoire « *de poursuite* », du matériel génétique, que nous avons découvert parallèlement au groupe de Robert Pecora (USA). Le phénomène du fantôme dit « *de la feuille coupée* », confirmé par de nombreux laboratoires, et par nous-même, est de la même nature. Une telle mémoire du génome peut être considérée comme l'une des formes de mémoire de champ des systèmes biologiques aux niveaux moléculaire, tissulaires et de l'organe. Elle se réalise en même temps comme mémoire associative-holographique et comme mémoire post-active de l'ADN, et fournit d'autres versions du fonctionnement des chromosomes, complétant des mécanismes déjà connus et déplaçant le problème de la morphogénèse biologique vers d'autres plans gnoseologiques. Nous avons étudié ce problème simultanément dans les plans théoriques, physicomathématiques, et expérimentaux [8, 25, 27, 37]. Comme conséquence, il apparaît qu'il existe un secteur de travail géno-sémiotique du continuum chromosomique dans lequel il se produit une séparation duale des séquences sémantiques de l'ADN, en deux niveaux : niveau matériel (les répliques de l'ARN et des protéines, les topologies sémiotiques des chromosomes), et du champ (l'acoustique sémiotique {24} et les rayonnements électromagnétiques du génome). En partant de là il est possible de représenter la hiérarchie codante de l'appareil des eucaryotes de la manière suivante :

Du matériel : l'ADN chromosomique en tant que structure codante dans laquelle le code à triplets remplit les fonctions primaires élémentaires géno-sémiotiques de la synthèse de l'ARNm et des protéines (1^{er} niveau). L'ADN chromosomique qui inclut des zones d'introns et de séparateurs, en tant que structure multidimensionnelle des formes sémiotiques, fractales, topologiques du cristal liquide, dont un cas particulier est constitué par les réticules holographiques du continuum génomique, polynucléaire, cohérent (2^{ème} niveau). Les fractales quasi « *discursives* » des séquences de poly nucléotides ADN-ARN, plus longues que des triplets des codons et des gènes à protéines, et codant sur un niveau « *discursif* »-sémiotique (3^{ème}, 4^{ème}, ..n^{ème} niveaux).

Du champ : Les séries « *sémiotiques* » (figuratives) ou bien « *idéales* » sous forme des structures ondulatoires, détachées du génome, dont la génération et la « *compréhension* » sont réalisées par le génome en tant qu'ordinateur biologique holographique et à solitons, avec des attributs quasi « *discursifs* » et donc une quasi conscience. La destination des commandes ondulatoires et « *discursives* » consiste en un marquage logique et quasi conscient du système biologique potentiel, c'est à dire en la synthèse de son « *autoportrait* » de champ, relativement stable tout en restant dynamique, de la matrice ondulatoire physique, destiné à une répartition juste de la matière de l'organisme dans son propre espace-temps. Il est dès lors logique de considérer :

- a) Les relations informationnelles entre le système des matrices extracellulaires, le cytosquelette, l'appareil de synthèse des protéines et les chromosomes, depuis les positions nouvelles qui tiennent compte des données expérimentales personnelles sur les états ondulatoires isomorphes de ces structures biologiques.
- b) L'apport des champs physiques endogènes dans la morphogénèse.
- c) Le rôle des champs physiques endogènes dans l'embryogénèse des systèmes biologiques, du point de vue de l'holographie et de la solitonique. Il est suggéré l'idée d'un affichage isomorphe-homomorphe au niveau des fonctions de champ du génome, avec sa capacité aux excitations à solitons et de leur transport sur le continuum « aqueux » cellulaire et extracellulaire.

Nous avons découvert dans le cadre d'expérimentations mathématiques, la capacité des modèles informatiques des solitons d'Englander, Salerno, Maslow de mémoriser les séquences des nucléotides, en les affichant dans la dynamique de leur propre comportement dans le temps. Ce faisant il a été mis à jour le problème inverse évident : Si les solitons réalisent la « mémorisation » des structures d'ADN, dans leurs modulations d'amplitude de trajectoire, alors il est naturel de considérer comme possible la génération d'une telle information hors des limites de l'ADN, ce qui est en corrélation avec nos expériences et la théorie de la transmission à distance de signaux ondulatoires morphogénétiques [25]. Ceci devrait trouver sa représentation dans les plans physiques et sémiotiques sous la forme de la retransmission par solitons des séquences des nucléotides (au niveau de grands blocs) dans une forme adéquate lisible, par l'être humain également.

Simulation mathématique des solitons sur l'ADN

Mario Salerno a été le premier à expérimenter les solitons sur ordinateur, sur l'ADN, non seulement comme sur des structures mathématiques formelles, mais il a tenté de lier leur comportement dans un espace commun de poly nucléotides avec leurs fonctions biogénétiques {25}, plus précisément épigénétiques¹⁷. Ce faisant il a développé le premier modèle à solitons d'ADN, proposé par Englander et ses coéquipiers¹⁸. Ce modèle et les formes plus élaborées qui suivirent, y compris la notre (voir ci-dessous), sont présentées sous formes de systèmes mécaniques, comme une chaînette d'oscillateurs (bases d'ADN) reliées par des liaisons élastiques sucre-phosphate. À la suite de Salerno, notre attention a été portée sur des séquences ADN connues, réellement existantes et sur leur influence sur le comportement des solitons. La première étape a consisté en la répétition de ses expériences, mais sur des segments sensiblement plus longs d'ADN. Effectivement les excitations des solitons de type kink (: point anguleux. N.d.T), sont sensibles à l'emplacement du départ de l'excitation, et leur propagation le long de l'une des chaînes ADN, lorsque celles-ci sont séparées à la suite de fluctuations thermiques, est accompagnée d'une modulation spécifique temporelle de la trajectoire des kinks. De tels solitons sont des structures émettrices de champs acoustiques et électromagnétiques. Leur structure oscillatoire interne est capable de figurer et

¹⁷ Salerno M. // Phys. Revue. A.1991. V. 44. No 8. P. 5292.

¹⁸ Englander et al. // Procédures of National. Acad. Sciences. USA., 1980.V. 77. P. 7222.

retransmettre des textes et d'autres structures sémiotiques ADN, dans l'espace intercellulaire et à l'extérieur, au moins au niveau de gros blocs de séquences. En guise d'exemple on peut montrer le comportement du kink sur un fragment d'ADN de 1020 paires de bases du virus du sarcome d'oiseau.

Segment C de l'ADN (nucléotides 1 à 1020) sur la 3^{ième} terminaison du virus de sarcome d'oiseau.

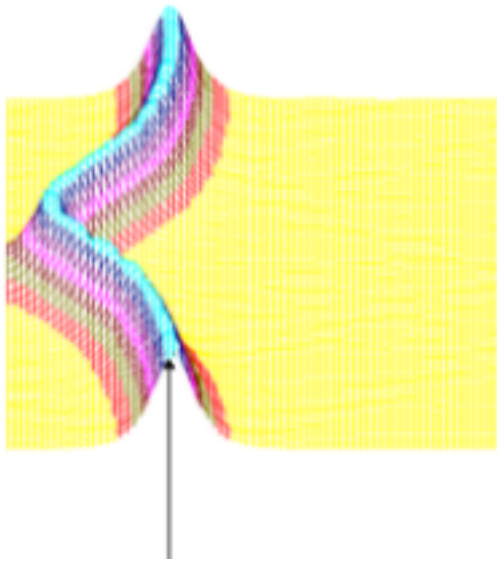
Il contient quelques espaces « sémantiques » déterminés, tel que la séquence de codage de polypeptide (entre les nucléotides 558 et 675) ; PolA (936), 3^{ième} terminaison de l'ARN du virus : site d'adénilylation ; nucléotide 916, 5^{ième} terminaison de l'ARN du virus (« capping site ») ; segment Red, répétition abrégée du génome du virus ; Pro : probable composant du promoteur de transcription (entre 870 et 900) ; palindrome « clavette » (870 à 912).

(Commencement au 5^{ème}) ⇒

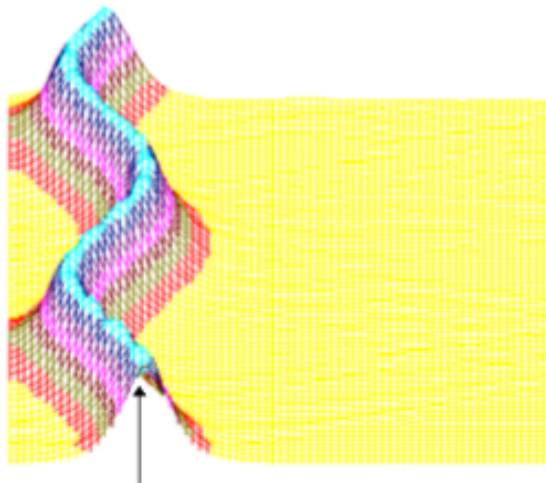
GGC CTA TGT GGA GAG GAT GAA CTA CGT GCA CCG AGA CCT GCG GGC
GGC CAA CAT CCT GGT GGG GGA GAA CCT GGT GTG CAA GGT GGC TGA
CTT TGG GCT GGC ACG CCT CAT CGA GGA CAA CGA GTA CAC AGC ACG
GCA AGG TGC AAG TTC CCC ATC AAG TGG AGA GCC CCC GAG GCA GCC
CTC TAT GGC CGG TTC ACC ATC AAG TCG GAT GTC TGG TCC TTC GGC ATC
CTG CTG ACT GAG CTG ACC ACC AAG GGC CGG GTG CCA TAC CCA GGG
ATG GGC AAC GGG GAG GTG CTG GAC CGG GTG GAG AGG GGC TAC CGC
ATG CCC TGC CCG CCC GAG TGC CCC GAG TCG CTG CAT GAC CTT ATG
TGC CAG TGC TGG CGG AGG GAC CCT GGA GGA GCG GCC CAC TTT TCG
AGC TAC CTG CAG GCC CAG CTG CTC CCT GCT TGT GTG TTG GAG GTC
GCT GAG TAG TGC GCG AGT AAA ATT TAA GCT ACA ACA AGG CAA GGC TTG
ACC GAC AAT TGC ATG AAG AAT CTG CTT AGG GTT AGG CGT TTT GCG CTG
CTT CGC GAT GTA CGGGCC AGA TAT ACG CGT ATC TGA GGG GAC TAG GGT
GTG TTT AGG CGA AAA GCG GGG CTT CGG TTG TAC GCG GTT AGG AGT
CCC CTC AGG ATA TAG TAG TTT CGC TTT TGC ATA GGG AGG GGG AAA TGT
AGT CTT ATG CAA TAC TCT TGT AGT CTT GCA ACA TGG TAA CGA TGA GTT
AGC AAC ATA CCT TAC AAG GAG AGA AAA AGC ACC GTG CAT GCC GAT TGG
TGG AAG TAA GGT GTA CGA TCG TGC CTT ATT AGG AAG GCA ACA GAC
CGG GTC TGA CAT GGA TTG GAC GAA CCA CTG AAT TCC GCA TCG CAG
AGA TAT TGT ATT TAA GTG CCT AGC TCG ATA

CAA TAA ACG CCA TTT GAC CAT TCA CCA CAT TGG TGT GCA CCT GGG TTG
ATG GCT GGA CCG TCG ATT CCC TAA CGA TTG CGA ACA CCT GAA TGA AGC
AGA AGG CTT CATT ← **1020** (fin 3^{ème} terminaison)

{26}



Influence de la séquence des nucléotides d'ADN sur la dynamique de la conformation d'excitation de l'onde de solitons : La séquences des nucléotides du virus de sarcome d'oiseau (les 600 premières paires de bases) : Le centre d'excitation sur le nucléotide 400:



Même chose que la figure 1, mais le point de départ de l'excitation est placé au nucléotide 450

Figure 1

Sur les figure 1 et 2 les kinks (points anguleux) ont la forme de «vagues montagneuses » et non de marches, parce qu'on a utilisé la dérivée de la fonction sinus de l'équation de Gordon. Ici l'axe horizontal représente les séquences d'ADN. L'axe vertical représente l'amplitude du soliton.

L'axe dirigé vers l'observateur c'est l'axe du temps. On voit que lorsque le point de départ du soliton sur certaines séquences du poly nucléotide change, la dynamique de cette onde solitaire change sensiblement, sous la forme d'oscillations le long de la chaîne ADN.

Figure 2

La zone étudiée est riche de segments fonctionnels (et sémantiques) biologiquement important, et nous sommes en droit d'attendre que ces segments vont modifier, moduler, c'est à dire introduire l'information « textuelle » de l'ADN dans l'onde des solitons, en tant que vecteur des transmissions génétiques. Cette modulation de la structure oscillatoire est nettement visible sur les figures présentées ici.

On peut supposer que la composition spectrales des fréquences d'oscillation

des solitons constitue l'un des mécanismes de la mise en formes des structures textuelles ADN et ARN, dans une forme ondulatoire, et c'est un moyen de transmission d'informations génétiques et autres dans l'espace unidimensionnel, le long des chaînes des poly nucléotides, ou dans l'espace tridimensionnel du génome, de la cellule seule autant que du continuum tissulaire du système biologique. {27}

C'est ainsi que fonctionne le modèle informatique de la dynamique des solitons, dans une certaine mesure développée par Salerno, après son expression mathématique par Englander. Salerno a donné le formalisme décrivant les oscillations rotatoires de nucléotides de la molécule d'ADN, pour pouvoir expliquer les données expérimentales sur l'échange hydrogène-tritium dans l'ADN. Selon ce modèle, d'après Englander, il peut se produire dans la chaîne ADN (sous l'effet du bruit thermique) et se propager des zones de séparation (« fusion » de la double hélice ADN, sur de courts intervalles riches en paires AT), sous forme de dislocations localisées (ondes isolées). En poursuivant le travail d'Englander, Mario Salerno a révélé, dans une forme simplifiée, l'influence de la séquence des nucléotides sur la dynamique non linéaire des oscillations rotatoires des nucléotides sur les segments solitaires (singletons) de l'ADN formant des zones ouvertes (« *open state* »). Par la suite, Yakushevitch, Fédianine, Homa et d'autres ont étudié diverses généralisations du modèle d'Englander en évaluant les particularités structurelles de l'ADN, et en prenant en compte l'arrachement de la liaison hydrogène lors de l'ouverture des bases, la parité de la chaîne ADN et d'autres degrés de liberté distincts des rotatoires. Cependant dès les travaux indiqués, il est dit trop peu sur les causes de l'apparition des dislocations de l'ADN. Nous proposons un mécanisme possible de ce processus dans l'ADN, alternatif à l'hypothèse d'Englander concernant l'interaction du bruit thermique en tant que cause de la dissociation des paires de bases. Nous considérons que les dislocations sur l'ADN peuvent se produire lors d'un changement de la période de la spirale ADN (l'idée est due initialement à M. Y. Maslow).

Dans notre modèle les nucléotides sont vus comme des oscillateurs suspendus le long d'une tige rigide et dans poids ; la liaison sucre-phosphate entre les nucléotides voisins est simulée comme des ressorts linéaires de liaison ; la forme spiralée le long de la chaîne, n'est pas prise en compte ; les liaisons hydrogène entre les bases complémentaires sont simulées par un potentiel de « gravitation ».

Le hamiltonien selon Salerno a l'aspect suivant :

$$H = \sum_{i=1}^N \frac{1}{2} \left\{ I_i (\dot{\varphi}_i^2 + \dot{\theta}_i^2) + K_i (\phi_{i+1} - \phi_i)^2 + \bar{K}_i (\theta_{i+1} - \theta_i)^2 \right\} + \lambda_i \beta [1 - \cos(\phi_i - \theta_i)], \quad (1)$$

{27}

où θ_i, ϕ_i sont les angles de rotation des nucléotides dans diverses chaînes.

K_i, \bar{K}_i les constantes d'élasticité le long des chaînes.

N le nombre paires dans la chaîne.

I_i le moment d'inertie des bases.

β la constante d'élasticité des liaisons hydrogène entre les bases complémentaires.

Les coefficients λ_i dans l'équation (1) sont déterminés d'après la loi: $\lambda_i = 2$ dans le cas des paires AT ou TA, $\lambda_i = 3$ dans les cas des paires CG ou GC.

$\beta = 2 \cdot 10^{-3}$ paramètre déterminé par Fédianine et Yakushevitch¹⁹, obtenu d'après le modèle de sinus de Gordon et de données expérimentales. Pour la suite, afin de simplifier le modèle, on considère que : $K_i = \bar{K}_i = K, I_i = I$.

Les équations du mouvement, pour la différence $\varphi_i = \phi_i - \theta_i$ obtenues depuis l'équation (1) ont valeurs, selon M : Salerno :

$$\ddot{\varphi}_i = \varphi_{i-1} - 2\varphi_i + \varphi_{i+1} - \lambda_i \beta \sin(\varphi_i). \quad (2)$$

Où l'on a remplacé $t \rightarrow \sqrt{\frac{I}{K}} t$

Dans le cas où $\lambda_i = \lambda = 1$, dans le système (2), on peut passer à l'équation adimensionnelle différentielle du sinus de Gordon : $\varphi_{xx} = \varphi_{xx} - \sin \varphi$, (3) qui est « l'analogie permanent » du système (2). Cette équation possède une solution à solitons, en particulier une solution à mono-soliton (kink) et correspond à une dislocation de la chaîne.

La proposition principale des modèles Englander Salerno est constituée par

¹⁹ Fédianine I.A., Yakushevitch L.V. // Stud. Biophys. 1984.V.103. P.171

l'interaction entre les bases complémentaires qui est décrite par le potentiel:

$V(\varphi) = 1 - \cos(\varphi)$ (4) dans lequel on ne tient pas compte de la rupture de la liaison hydrogène .

Dans notre travail, nous utilisons le potentiel suivant :

$$\bar{V}_C(\varphi) = \begin{cases} 1 - \cos \varphi, & \cos \varphi > \cos C \\ 1 - \cos C, & \cos \varphi \leq \cos C \end{cases}$$

En outre on tient compte de la viscosité du milieu aqueux : dans l'eau la viscosité $\gamma \sim 1$.

Les facteurs qui induisent la spiralisation de l'ADN sont également pris en compte. Ils sont considérés comme des forces externes imposées par le potentiel :

$$\bar{V}_C^L(\varphi_i, i) = \begin{cases} 1 - \cos(\varphi_i + L \cdot (i - 1)), & \cos \varphi > \cos C \\ 1 - \cos(C + L \cdot (i - 1)) & \cos \varphi \leq \cos C \end{cases} ,$$

$$L = \frac{2 \cdot \pi}{D} ,$$

Où le D serait la période de la spirale.

Les équations (2), avec le potentiel $\bar{V}_C^L(\varphi_i, i)$ et tenant compte de la

viscosité, deviennent :
$$\ddot{\varphi}_i = \varphi_{i-1} - 2\varphi_i + \varphi_{i+1} - \frac{\partial \bar{V}_C^L}{\partial \varphi}(\varphi_i, i). \quad (5)$$

Il est connu que la période de la spirale ADN varie selon l'humidité. En particulier, pour l'ADN cristallisé, $D_0 = 10$ alors que dans un milieu aqueux D_1 varie de 10,3 à 10,6. C'est précisément par ce facteur qu'est conditionné le facteur de super spiralisation. Lors du changement du pas de la spirale de la chaîne ADN, (avec les extrémités fixées ou bouclées l'un sur l'autre) il apparaît une tension liée au manque ou à l'excès du nombre de spires de la spirale, {29} pour atteindre l'état relaxé. Si $D_{dry} - D_{water} = 0,5$, alors lors du passage de l'état sec à l'état humide, pour une chaîne de 300 paires de bases, il apparaît un excès du nombre de spires :

$$250 \cdot (D_{dry}^{-1} - D_{water}^{-1}) \approx 1,2$$

Dans notre travail, à la suite des résultats de simulation numérique présentés ci-dessous, l'hypothèse suivante est mise en avant : La variation du pas de la spirale

peut entraîner non seulement une super spiralisation, mais aussi à une dissociation locale de la double chaîne ADN. En outre, en cas de super spiralisation, la tension dans la spirale n'est pas entièrement neutralisée, c'est pourquoi la dissociation locale peut survenir en même temps que la super spiralisation.

Le système (5) a été intégrée numériquement dans l'intervalle $T \in [0, 2000]$ avec un pas de $\Delta T = 0,1$. Les conditions initiales sont les suivantes :

$$\varphi_i(0) = \varphi_i^D(0), \quad \dot{\varphi}_i(0) = \dot{\varphi}_i^D(0), \quad D = D_1$$

La période de la spirale dans le système (5) : $D = D_1$, la longueur de la chaîne poly-A est de 300 paires de bases. C'est à dire que les paramètres de la période de spirale, dans les conditions initiales et dans le système (5) sont distincts. De cette façon nous simulons le passage de l'état cristallin de l'ADN à l'état hydraté.

Les conditions générales sont les suivantes (appelons les « quasi cycliques ») :

$$\varphi_0 = \varphi_N - T, \quad \varphi_{N+1} = \varphi_1 + T, \quad T = \varphi_N - \varphi_1$$

La particularité du présent modèle c'est que lors du passage d'un état avec une période de 10 paires à une période de 10,5 paires, presque toute la chaîne s'avère être dénaturée (« fusionnée »). Les résultats présentés ci-dessous décrivent le processus de renaturation d'une telle chaîne présentant une telle dislocation.

Dans ces expériences nous avons fait varier les paramètres suivants :

- 1- la dissipation : $\gamma = 0,1 \dots 1,$
- 2- le rapport des paramètres d'élasticité : $\beta / K = 0,1 \dots 0,5,$
- 3- l'angle de rupture des liaisons hydrogène : $C = \varphi_{cut} = 10^\circ \dots 20^\circ$

Les figures 3 et 4 présentent les résultats d'intégration numérique du système (5).

On montre non pas la fonction $\varphi(x, t)$ elle-même, mais la différence $\varphi(x, t) - \varphi^D(x)$, car le champ de variation de la fonction $\varphi(x, t)$ (environ de 0 à 160), est grand par rapport aux variations caractéristiques dans le système (de 0 à 9). La partie horizontale des graphes correspond à la partie non dissociée de la chaîne, avec une période de spirale D_1 .

La partie inclinée sur les figures 3(a) et 4(a) correspond à la dislocation.

On peut faire les déductions suivantes :

- 1-La capacité à la dislocation dans ce modèle dépend fortement de φ_{cut} .

Pour $\varphi_{cut} = 20^\circ$ la dislocation est apparue dans tous les cas étudiés.

2-La capacité à la dislocation dépend également du paramètre β/K .

Dans tous les cas ou le paramètre β/K est fort ($\beta/K = 0.5$ dans 1(a) et 2(a)) la dislocation a eu lieu. La comparaison des figures 3(a) et 4(d) témoignent aussi dans ce sens.

Des calculs complémentaires montrent que l'influence de γ sur cet effet est moindre. La dislocation se produit ou non indépendamment de la valeur {30} de γ (valeurs 1 ou 0,1). La dislocation se forme plus lentement pour des valeurs fortes de γ .

3-On voit sur les figures 3(a), 4(c, d) que la dislocation a une forme de point anguleux (kink).

La largeur des dislocations dépend des paramètres β/K (plus β/K est élevé, moins la dislocation est large, et φ_{cut} (plus φ_{cut} est grand, moins la largeur de la dislocation est grande).

En développant plus avant les simulations des excitations à solitons dans l'ADN (en compagnie de M. Y. Maslow et d'autres) nous avons utilisé les conditions dans lesquelles les chaînes ADN sont simulées par un ensemble d'oscillateurs rovibroniens suspendus à une tige rigide inextensible. La spiralisation n'était pas prise en compte et les degrés de liberté rovibroniques de l'une des chaînes sont considérés comme « gelés ».

Dans ce cas l'hamiltonien pour la chaîne « active » s'exprime de la façon suivante :

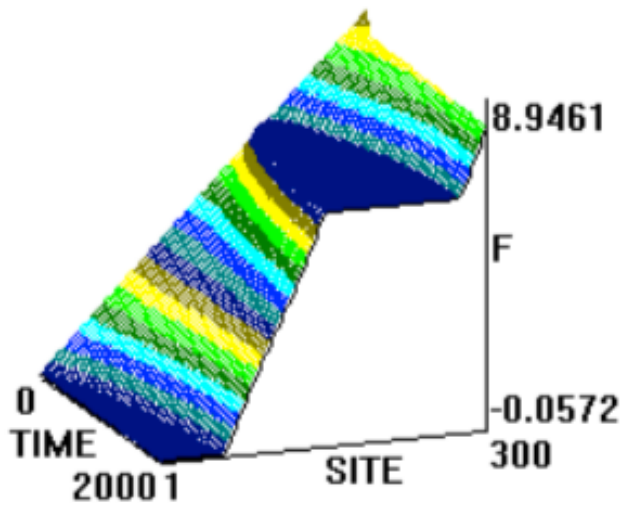
$$H = H_0 + H_1 + H_2$$

$$H_0 = \frac{1}{2} \sum_{i=1}^N I \dot{\varphi}_i^2, \quad H_1 = \frac{1}{2} \sum_{i=1}^N K (1 - \cos \Delta \varphi_i^2), \quad H_2 = \sum_{i=1}^N \lambda_i \beta [1 - \cos \varphi_i], \quad (1)$$

où N est le nombre de paires de la chaîne.

H_0 le hamiltonien décrivant les oscillations propres des monomères (I est le moment d'inertie des bases. φ_i sont les angles de rotation des nucléotides sur la chaîne) ; H_1 le hamiltonien de la liaison non linéaire périodique entre oscillateurs (K la constante d'élasticité de la chaîne $\Delta \varphi_i = \varphi_{i+1} - \varphi_i$) ; H_2 le hamiltonien décrivant la liaison non linéaire entre les chaînes ADN « gelée » et « active » ($\phi_i = 0$) où β est la constante d'élasticité des liaisons hydrogène entre les bases complémentaires, les λ_i dans l'équation (1), sont déterminés par la règle : $\lambda_i = 2$ dans le cas des paires TA ou AT, $\lambda_i = 3$ dans le cas des paires GC ou CG ; $\beta = 2 \cdot 10^{-3}$ le paramètre obtenu précédemment (voir ci-dessus) et défini sur la base du modèle du sinus de

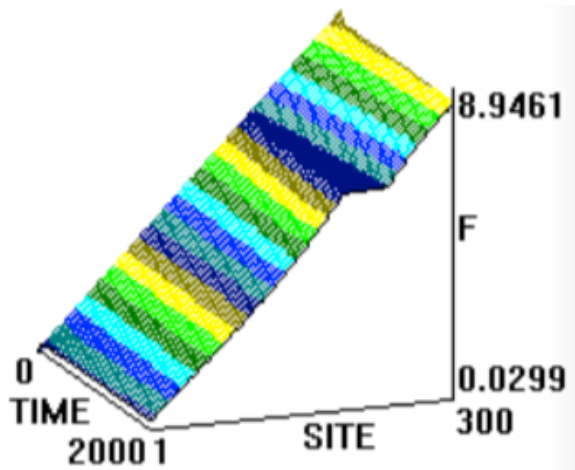
Gordon). {32}



$$\gamma = 1, \beta / K = 0.5, \varphi_{cut} = 10^\circ$$

$$x_0 = 200$$

(a)



$$\gamma = 1, \beta / K = 0.1, \varphi_{cut} = 10^\circ$$

$$x_0 = 250$$

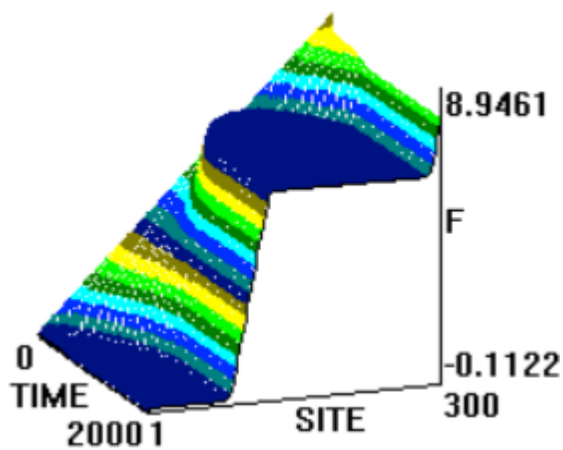
(b)

Figure 3

Pour des $\Delta\varphi_i$ faibles, le hamiltonien $H_1 = \frac{1}{2} \sum K \Delta\varphi_i^2$ qui coïncide avec la partie correspondante du hamiltonien général, utilisé précédemment. Dans ce cas les mouvements pour φ_i , provenant de (1), ont l'aspect suivant :

$$\ddot{\varphi}_i = -\varphi_{i-1} - 2\varphi_i + \varphi_{i+1} - \lambda \frac{\beta}{K} \sin(\varphi_i), \quad (2)$$

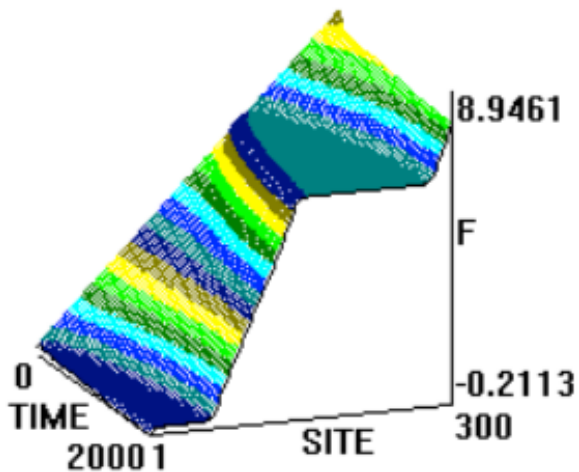
où a lieu la substitution suivante: $t \rightarrow \sqrt{\frac{L}{K}} t$.



$$\gamma = 1, \beta / K = 0.5, \varphi_{cut} = 20^\circ$$

$$x_0 = 300$$

c)



$$\gamma = 1, \beta / K = 0.1, \varphi_{cut} = 20^\circ$$

$$x_0 = 350$$

Figure 4

d)

Dans le cas où $\lambda = \lambda$ dans le système (2), on peut passer à l'équation scalaire différentielle du sinus de Gordon : $\varphi_{tt} = \varphi_{xx} - \sin \varphi$, (3) qui est « l'analogie permanente » du système (2). Cette équation possède des solutions à solitons, en particulier, la solution à un soliton, celle du point anguleux (kink), qui caractérise la dynamique de propagation de la dislocation dans la chaîne.

Conformément à (1), le système d'équations non linéaires du mouvement se présente sous la forme suivante :

$$\ddot{\varphi}_i = \sin(\varphi_{i-1} - \varphi_i) + \sin(\varphi_{i+1} - \varphi_i) - \lambda_i \frac{\beta}{K} \sin(\varphi_i). \quad (4)$$

Nous voyons que (2) et (4) sont sensiblement différents. Remarquons cependant que

la simulation numérique que nous avons menée de la dynamique des systèmes (2) et (4) a montré que : Si on prends pour valeurs initiales, pour l'intégration numérique de (2), la solution à un seul soliton, de son « *analogue permanent* » (3), le kink (voir ci-dessus), alors on découvre une analogie de principe dans le caractère des solutions.

Par contre si l'on fixe les conditions initiales sous la forme suivante :

$$\varphi(x,0) = \varphi^0(x) = \begin{cases} 0 & A(x-x_0) < 0 \\ A(x-x_0) & 0 \leq A(x-x_0) \leq 2\pi, \\ 2\pi & A(x-x_0) > 2\pi \end{cases} \quad (5)$$

$$\dot{\varphi}(x,0) = \dot{\varphi}^0(x) = \begin{cases} 0 & A(x-x_0) < 0 \\ 1 & 0 \leq A(x-x_0) \leq 2\pi, \\ 0 & A(x-x_0) > 2\pi \end{cases}$$

où $\varphi^0(x)$ est la fonction du pas, avec une hauteur du pas de 2π et un angle d'inclinaison du pendage A, il apparait une différence de dynamique des systèmes donnés (comparer les figures 1, 2 et 3). Plus précisément les systèmes (2) et (4) ont été intégrés par la méthode Runge Couta du 4^{ème} ordre, avec des conditions initiales fixées dans (7), dans l'intervalle $T \in [0,750]$, au pas de $\Delta T = 0.1$. Les conditions aux limites étant « quasi cyclique » :

$$\varphi_0 = \varphi_N - T, \quad \varphi_{N+1} = \varphi_1 + T, \quad T = \varphi_N - \varphi_1.$$

$\lambda_1 = 2$ (Séquence poly-A). Le paramètre du système $\beta/K = 0.1$. La variation du paramètre A (l'angle d'inclinaison du pendage de la fonction $\varphi^0(x)$). {34}

L'intégration numérique du système (2) (figure 1) a montré qu'il se formait deux ondes solitaires, se déplaçant de droite à gauche le long de la chaîne, avec une vitesse constante. La première onde a la forme d'un quasi point anguleux (kink) la seconde ayant la forme d'un quasi breaser. Et la vitesse de la première dépasse celle de la seconde. Les deux ondes, du fait d'une « *quasi cyclicité* », quand elles arrivent à la fin de la chaîne, réapparaissent au début à droite, sans une modification de leur forme. En passant sur la chaînette des oscillateurs, le quasi kink change la coordonnée de chacun des oscillateurs d'un angle de 2π (l'oscillateur fait un tour complet) : C'est pourquoi, en passant K fois sur la chaînette des oscillateurs, il modifie la coordonnée de chaque oscillateur d'un angle $K \times 2\pi$. C'est ce qui

explique la forme « en escalier » du graphique de la figure 1.

La figure 2 présente les résultats d'intégration numérique du système (4) dans les mêmes conditions. Le graphe montre qu'il se forme les deux mêmes ondes surprenantes : quasi kink et quasi breeser. Mais la grande différence de principe consiste dans le fait qu'au début le quasi kink se déplace avec une accélération négative, et il en résulte que sa vitesse devient inférieure à celle du quasi breeser. Notons que les recherches se déroulaient sur une séquence homogène de poly-A. On ne peut donc pas expliquer la variation de vitesse du quasi kink par l'hétérogénéité de la chaînette. Cet effet s'explique par l'interaction non linéaire entre ses monomères.

La figure 3 utilise les résultats d'intégration du système (4) aux mêmes conditions, sauf que $A=2$. Dans ce cas il n'apparaît que le quasi kink et son accélération négative au début du mouvement est telle qu'il finit par se déplacer en sens inverse de sa vitesse initiale. Lors de l'intégration du système (2) dans des conditions semblables, seul l'onde du quasi kink apparaît également. Sa vitesse ne change pas en comparaison de la figure 1.

Il est notable qu'à l'occasion de conditions particulière dans des systèmes du type ADN ou ARN, il peut apparaître des états d'hyperexcitabilité rovibronienne. Dit en langage quantique cela s'exprimerait ainsi : une surpopulation des niveaux quantiques supérieurs par rapport au niveau de base (la réalisation d'une population inversée). Dans ce cas il apparaît une idée séduisante : liée à la faisabilité de principe d'un laser à biosolitons (LBS) fondé sur des molécules d'ADN²⁰.

Cependant il est bien connu dans la théorie de la dynamique des polymères biologiques, que les mouvements de conformation se réalisent par le mécanisme d'une diffusion limitée, à cause de la forte influence des forces dissipatives de la part du micro environnement. Pour cette raison la solution du problème de la création de LBS sur de l'ADN s'avère assez problématique, du moins, pour la confirmation de

cette idée il importe de réaliser les conditions suivantes : $\tau = \frac{\Delta X}{V} < \tau_{dss}$ où ΔX et V sont la vitesse et la largeur du soliton, τ_{dss} la vitesse de dissipation. Posons

²⁰ Notons aussi l'idée de Y.N. Jivliouk, liée à la création de lasers fondés sur les transitions de phase des molécules biologiques. (Remarque personnelle).

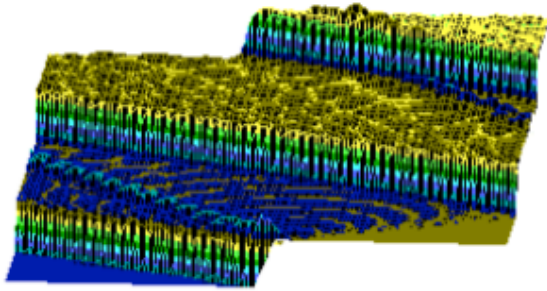
(Отметим также идею Ю.Н. Живлюка, связанную с созданием лазеров на фазовых переходах биомолекул (персональное сообщение).)

$\Delta x \approx 5A$ et $V = 10^5$ cm/s (vitesse du son). Nous obtenons une évaluation $\tau_{diss} > 5 \times 10^{13}$ s. Notons que la valeur caractéristique du temps de dissipation sous l'effet des forces hydrodynamiques de l'eau $\tau_{diss} = 10^{-12}$ à 10^{-9} s²¹. {35}

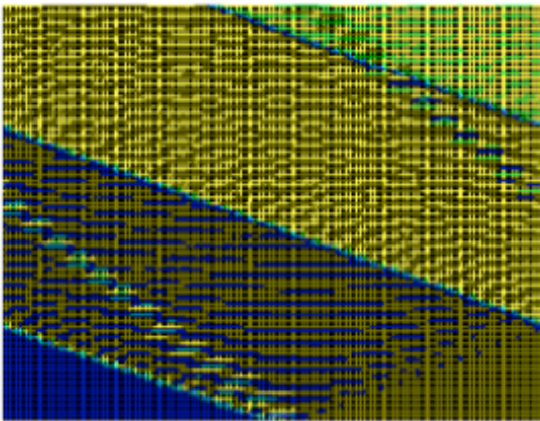
Il existe aussi une autre complication dans l'interaction entre l'auto coordination des biosolitons et l'onde de surrayonnement électromagnétique. Rappelons que la simulation mathématique dans ce cas se passait à l'aide d'un ADN poly-A monotone, et c'est pourquoi il n'était pas clair si l'hétérogénéité naturelle des séquences de l'ADN avait une influence sur la dynamique de l'excitation des solitons dans la molécule. Pour vérifier cela nous avons pris, comme précédemment, une région C de l'ADN dans la 3^{ème} terminaison du virus du sarcome d'oiseaux, en guise de polygone pour le lancement des solitons sur différents segments du polymère. Cette fois-ci nous avons calculé la dérivée de la fonction afin de montrer plus clairement le mouvement des solitons.

Sur les figures 5 et 6 (ci-dessous) on voit clairement que lors du décalage de la zone d'excitation de l'onde à soliton depuis la partie basse, droite du graphe, vers la gauche, la trajectoire de l'onde montre des transformations sensibles, c'est à dire le remplissage « *linguistique* » de l'ADN se traduit dans le comportement des solitons. Mais l'essentiel n'est pas là. Cette fois ce n'est pas l'oscillation de l'onde autour d'une certaine position d'équilibre, qui est caractéristique mais son mouvement vers la partie gauche de la chaînette, après un délai déterminé. On peut y voir un sens biologique particulier. Le soliton, en tant que « *moyen potentiel de lecture* » de l'ADN, doit « superviser » de larges zones contextuelles et ne pas se limiter à des « *mots* » toujours les mêmes. {36}

²¹ K. V. Chaïman Biophysique. Moscou. 1994, tome 39, page 949 ; Tchernavsky et d'autres. 1986, n°287, page 21.



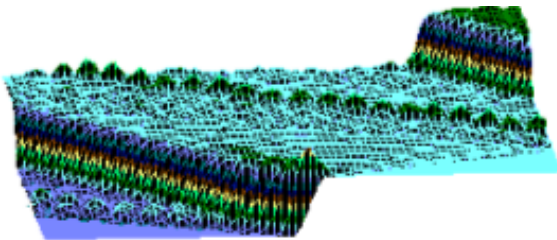
a) Résultats de simulation numérique de la distribution des excitations dans l'ADN sur la base du système (2) pour une valeur de $A=1$.



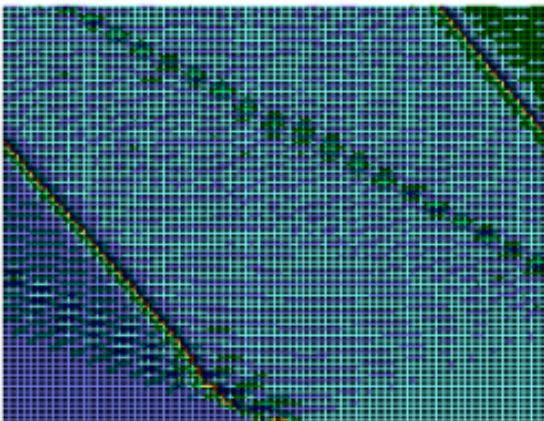
b) Même chose, vue de dessus

Figure 5

{37}

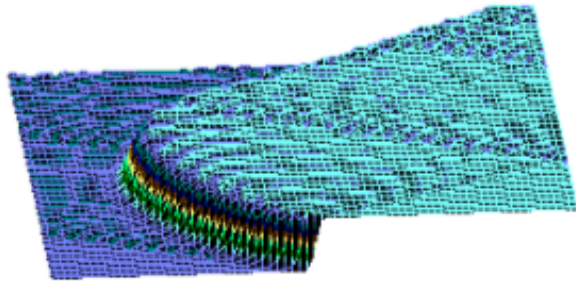


a) Résultats de simulation numérique de la dynamique de distribution des excitations dans l'ADN, pour le système (4), avec une valeur $A=1$.

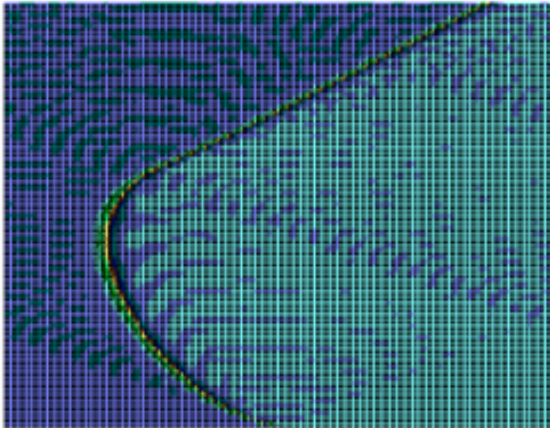


b) Les mêmes, vu de dessus.

Figure 6

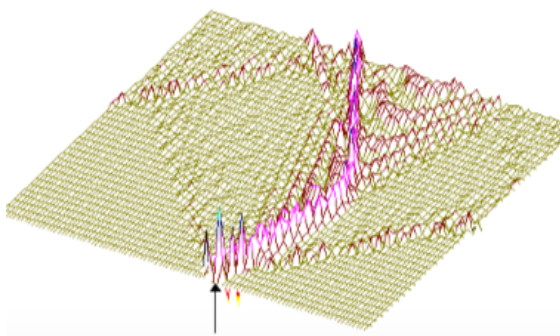


a) Résultats de simulation numérique de la dynamique de distribution des excitations dans l'ADN, pour le système (4), pour $A=2$.



b) Les mêmes, vu de dessus.

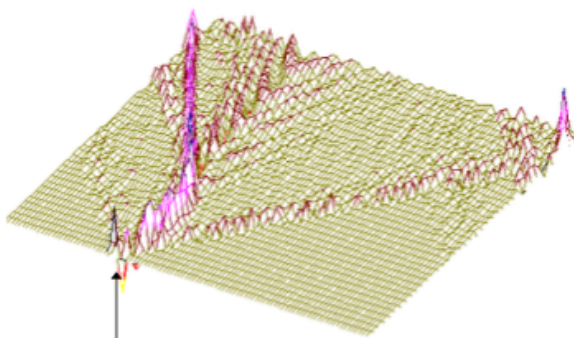
Figure 7



Excitation à solitons de l'ADN, tenant compte des liaisons covalentes non linéaires du squelette sucre-phosphate de l'ADN. La séquence des nucléotides du virus du sarcome d'oiseaux (les 600 premières paires de bases). Le centre d'excitation : 200^{ème} nucléotide.

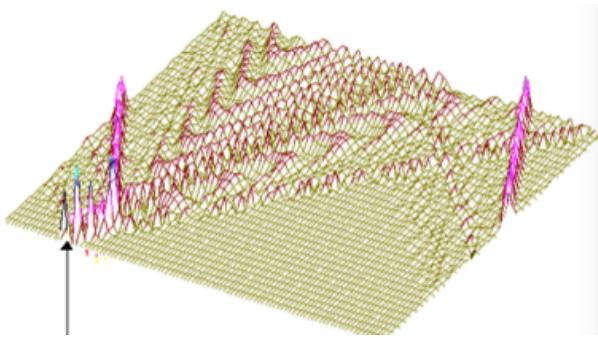
Figure 8

{38}



Semblable à la figure 8, mais le centre d'excitation est situé sur le 400^{ème} nucléotide.

Figure 9



Semblable à la figure 8, mais le centre d'excitation est situé sur le 500^{ème} nucléotide.

Figure 10

Démonstration expérimentale de la formation des solitons dans des bio polymères informationnels in-vitro

Les molécules d'ADN et de protéines sont elles aptes aux excitations aux solitons, comme le prédisent les très nombreuses simulations théoriques ? Nous avons entrepris des tentatives de repérage d'ondes non linéaires de cette nature in vitro, par la méthode de spectroscopie de corrélation de photons. Des effets stables sont mis en évidence, qui correspondent pour un certain nombre de signes, en particulier par le processus de formation spontanée de solitons, dans le cadre du phénomène FPU [8, 19, 25, 31, 32]. Il est apparu que lors du passage de l'état dilué de solution d'ADN, {40} à un état semi-dilué, on pouvait enregistrer des amortissements anormalement long des oscillations du continuum génétique de l'ADN. Les oscillations faiblement amorties disparaissent à mesure que l'on passe de la semi-dilution à la forte dilution, et avec la réduction de la longueur des segments d'ADN. Ces données confirment des travaux précédents²² sur l'agarose et le collagène, où l'on a découvert pour la première fois un amortissement très faible des oscillations de densité des gels biologiques. Le comportement anormal de l'ADN a été enregistré, après nos observations, par les auteurs japonais²³, par la méthode d'enregistrement directe de la dynamique brownienne d'un ADN à marqueur fluorescent. Dans le travail des japonais il a été découvert d'autres particularités de la dynamique non linéaire de l'ADN, qui divergent des travaux théoriques bien élaborés de Tsym et Rouse, mais qui correspondent assez bien à nos observations et à l'interprétation des molécules d'ADN en tant que structures résonantes sur des signaux ondulatoires externes [25, 6, 7, 15, 16, 29] (également voir ci-dessous). Une telle auto organisation des processus ondulatoires dans l'ADN, peut également survenir dans des conditions physiques où un rôle déterminant est joué par des

²² Brenner, Nossal. // *Macromolecules*.1978. V. 11. No 1.P. 202 –207.

²³ Matsumoto et al. // *J. Polymer Sci. B*. 1992. V. 30. No 7.P. 779 –783.

processus coopératifs au niveau du continuum macromoléculaire ADN, se rapprochant de la structure des chromosomes. Plus la structure des solutions d'ADN diffère de l'architectonique de l'ADN dans les chromosomes, (dans nos expériences ce sont des segments courts d'ADN) moins les interactions lointaines collectives (à l'échelle des longueurs macro moléculaires du polynucléotide) sont significatives entre les chaînes ADN, si importantes pour les fonctions épigénétiques du génome. Le maillon clé dans ces expériences c'est l'enregistrement précis du comportement de l'ADN *in vitro*, qui jadis avait été enregistré par Brenner et Nossal pour l'agarose et le collagène, dans des conditions semblables. Ceci permet de considérer la dynamique non linéaire de ce genre pour l'ADN et d'autres polymères biologiques d'information, comme une expression de propriétés de solitons dans le cadre du phénomène FPU. La dynamique non linéaire de l'ADN, son comportement hydrodynamique et son acoustique sont extrêmement sensibles aux interactions physiques externes *in vitro*: la restriction enzymatique, la dilution et la concentration, le réchauffement et le refroidissement, le traitement aux ultrasons, des faibles traitements mécaniques, une insolation IR laser, une insolation par un générateur FPU avec un champ électromagnétique à large spectre de fréquences. Ces interactions et leurs analogues peuvent et doivent d'une façon ou d'une autre avoir une influence sur l'appareil génétique *in vivo*, qui déforment les fonctions épigénétiques et sémiotiques normales des chromosomes. Ce qui est également confirmé dans nos expériences. La dynamique non linéaire de l'ADN révèle aussi d'autres propriétés « *anormales* ». Nous avons enregistré une très forte divergence des coefficients de diffusion pour les ADN annulaires et linéarisés de plasmides [33], ce qui ne colle pas plus dans la théorie de Tsym sur le comportement des polymères en solution aqueuse, et qui trouve dans ce plan, confirmation dans les travaux de Robert Pecora (USA) et qui avait été cité dans les recherches de Matsumoto et associés. Ces propriétés inhabituelles de l'ADN jouent probablement un rôle important, par exemple, pour la compréhension des mécanismes du « *pilotage* » dirigé et un « *atterrissage* » précis des transposons ADN (semblables aux plasmides) dans les limites du continuum cristal-liquide, hyper visqueux et hyperdense des chromosomes. Ce problème se trouve dans le domaine du problème général, non résolu de la biologie moléculaire : le problème de l'auto organisation des structures intracellulaires, extracellulaires et intra tissulaire, [41] de « *reconnaissance mutuelle* ». Il est clair que si nous maîtrisons les mécanismes ondulatoires, hydrodynamiques et autres du pilotage précis de transposons, si déterminants pour l'être humain, comme les oncogènes ou le rétrovirus du SIDA, nous aurons la possibilité de les corriger dans le sens nécessaire, excluant la pathogénèse. La découverte de la dynamique non linéaire de l'ADN avec des signes des solitons du type FPU, n'est pas moins importante. Ceci donne également un éclairage sur les principes de reconnaissance mutuelle macromoléculaires et supramoléculaires dans l'organisme, dans la ligne des interactions lointaines par résonances à solitons, et rend plus réaliste la tentative de description du fonctionnement du génome d'eucaryote, décrite précédemment.

Nous avons découvert également d'autres manifestations inhabituelles des propriétés physiques de l'ADN : sa répercussion ou bien sa mémoire traçante [25]. Ce phénomène pose le problème des nouveaux types de fonctions du génome. Il est possible que ce phénomène soit étroitement lié à une forme de mémoire particulière du génome des systèmes biologiques supérieurs. Il est également probable qu'il soit lié à la mémoire du cortex cervical. Mais si nous, et bien d'autres, avons élaboré des modèles physico-mathématiques de la mémoire associative du cortex, et de la

mémoire du génome des plantes, en termes de processus holographiques et à solitons, la mémoire à répercussion ADN est un phénomène peu clair et qui nécessite une étude bien plus approfondie et une interprétation attentive. Nous avons enregistré cet effet lors d'une diffusion dynamique du faisceau laser sur une préparation des noyaux d'érythrocyte de poule, de grande pureté, et sur de l'ADN pur, hautement polymérisé de thymus de veau [25]. Des effets semblables ont été observés par le groupe de P. Pecora²⁴, qui les a dénommé : « *MED effect* », (pour Mimicking effect of dust), c'est à dire effet imitant la poussière. Tout come dans nos travaux, cet effet a été révélé par la méthode de spectroscopie laser de corrélation, sur des segments restreints d'ADN, d'une longueur précise. Dans ce cas l'ADN se comportait de façon « *anormale* » : les photons du balayage se diffractaient non seulement sur les chaînes de nucléotides, mais aussi sur « *des particules étrangères* » qui n'étaient pas présentes dans la préparation, car un dépoussiérage sévère était appliqué sur la préparation. Cet effet n'a pas été commenté par le groupe de P. Pecora ce qui lui a rendu difficile d'expliquer le comportement de l'ADN, du point de vue de la théorie, pourtant bien élaborée de Tsym et Rose, pour la dynamique des polymères en solution aqueuse. Cela a été confirmé une fois de plus au Japon, par Matsumoto et consorts²⁵, lors d'une observation directe d'un ADN à marqueurs fluorescents à l'excitation brownienne « *anormale* ». On imagine que dans le travail du groupe Pecora la diffusion lumineuse s'appliquait non seulement sur les fragments réels de l'ADN, mais également sur les structures ondulatoires suiveuses de l'ADN, laissées par les molécules « *brownisantes* » de ce polymère biologique surinformé, dans l'esprit de la théorie du vide physique²⁶, qui postule l'idée de la génération de clusters de torsion, fantômes, équivalents de corps physiques.

Pour ce qui est de « *l'anomalie* » de l'ADN, découverte dans les travaux des Japonais, il se pourrait qu'ici ait lieu l'application de champs physiques externes rectifiant le comportement quasi spontané de l'ADN, ce qui n'est pas envisagé par les auteurs cités. {42}

Enregistrement du signal IR laser au niveau de la dynamique non linéaire ADN

Les prémisses de cette partie de ce travail consistent dans le fait que l'appareil chromosomique et la principale partie de l'ADN génèrent des structures sémiotiques ondulatoires. En même temps le génome est capable, sur la base de ce genre de mémoire ondulatoire, de reconnaître et de corriger la structure spatio-temporelle des systèmes biologiques. Il faudrait un résultat sans ambiguïté, qui montrerait que les molécules d'ADN sont en principe capables de mémoriser des champs électromagnétiques externes. Nous avons choisi un faisceau laser IR pour cela, en tenant compte du fait, que in vivo l'ADN utilise ce genre de rayonnement. Nous avons mis en route quelques séries d'expériences pour introduire, in vitro, un tel

²⁴ Allison S. A., Sorlie S. S. and Pecora R. // Macromolecules.1990. V. 23.P. 1110 –1118.

²⁵ Matsumoto et. al. //J. Polymère Sci.B. 1992. V.30. No 7. P. 779–783.

²⁶ Chipov G. I. La théorie du vide physique Moscou, 1993.
(Шупов Г.И. Теория физического вакуума. М. 1993)

signal laser artificiel dans le gel de molécules ADN, suivi d'une analyse de la dynamique non linéaire de ces molécules, en tant que système de restitution de l'interaction IR laser, dans le domaine de l'effet de l'onde en retour de Fermi Pasta Ulam (FPU) [25]. Nous avons utilisé un laser Ga-As en régime impulsionnel, pour une longueur d'onde de 890 nm, et une cadence d'impulsions de 600 Hz, ayant une puissance moyenne entre 0,8 et 3,1 W, pour introduire ce genre de signal dans le continuum dynamique non linéaire du gel ADN. L'enregistrement de l'interaction du laser et la préparation des échantillons d'ADN issu des érythrocytes de poulet ont été réalisés en conformité avec [25], en particulier, en utilisant la méthode de spectroscopie laser à corrélation. L'analyse du comportement des fonctions transitoires d'auto corrélation (FTAC) de diffraction ADN a montré que le signal IR du laser est mémorisé par le bio polymère sous forme d'une stochastisation périodique des FTAC et possède un caractère de durabilité et de stabilité. Les répétitions stochastiques des FTAC peuvent être interprétées comme l'une des formes du phénomène FPU, associé à la forme de mémoire propre à ce phénomène. Le fait de congeler ce gel pendant une semaine est sans effet sur cette mémorisation du signal IR laser : après dégel, la stochastisation périodique des FTAC se conserve, si on maintient la préparation dans sa forme de haute polymérisation. Il a été permis de cette manière de réaliser l'inscription de l'interaction d'un signal IR laser, externe, impulsionnel sur la dynamique non linéaire de l'ADN, ce qui pourrait servir comme modèle réaliste simplifié des processus ondulatoires épigénétiques in vivo.

De la possibilité de création d'un laser à l'aide de macromolécules informationnelles [30]

Quelques décennies ont passé depuis que les lauréats Nobel, académiciens russes A. N. Prokhorov, N. G. Bassov (Russie) et Charles Townes (USA) ont exprimé l'idée de la faisabilité de générateurs quantiques, puis l'ont réalisé. Aujourd'hui il est difficile de dire dans quels domaines de la science et de la technique ces générateurs ne sont pas utilisés (de la médecine et la biologie jusqu'à la fusion laser thermonucléaire). Les chercheurs suivants ont apporté leur importante contribution au développement de ce problème.

Dans la présente partie du travail nous posons la question de la faisabilité d'un laser fondé sur les macro molécules informationnelles, en particulier l'ADN, l'ARN, et les chromosomes. Il n'est pas question de créer des lasers de puissance dans ces structures. La question se présente autrement : Quelles sont les connaissances nouvelles que nous pourrions obtenir de l'ADN, de l'ARN et des chromosomes, en créant de tels lasers, et en étudiant le caractère de son rayonnement? On peut penser que ce seront {43} des données nouvelles, par principe. Par exemple (*) leur dynamique non linéaire, y compris du type soliton, les oscillations rovibroniennes, les modulations de la dispersion de la rotation optique et du dichroïsme circulaire, le déplacement de l'énergie vers d'autres niveaux de l'information (inaccessibles dans la méthodologie précédente). Simultanément les modifications dynamiques du faisceau laser peuvent avoir un caractère semiotico sémantique génétique et peuvent de ce fait posséder une activité biologique.

Nous avons fait des propositions dans ce sens, précédemment [25, 30]. Il était également question de réaliser un système laser dans des modes de Frölich [3]. La difficulté de démonstration de la justesse de telles idées, réside dans le fait que la

plupart des structures génétiques, qui contiennent dans leur corps des cycles aromatiques et hétérocycliques sont « *transparents* » pour les longueurs d'ondes caractéristiques de 350 à 400 nm. Une autre difficulté consiste dans la fragilité des structures biologiques face à une excitation optique puissante, qui va inmanquablement entraîner leur destruction.

Dans le présent chapitre nous procédons à une étude *in vitro* des spectres de luminescence induite di-photonique (LID) de préparations sous forme de cristaux liquides de nucléo histones, qui sont une fraction sommaire des chromosomes, où prédominent des protéines histones et de l'ADN (préparations standard hautement polymérisés de la société Sigma). Cette étude préalable doit permettre la réalisation de certaines expérimentations évoquées précédemment (voir *). Nous proposons, pour sensiblement accroître l'intensité de la LID des structures génétiques, un moyen d'activation de la luminescence par l'introduction d'activateurs (donneurs) dans la composition des échantillons à l'étude, sous forme de molécules organiques, dont le spectre d'absorption optique est proche de celui de l'ADN et des nucléo histones. De telles molécules se caractérisent par une forte intensité de leurs spectres de rayonnement qui se situent dans la zone d'absorption propre de l'ADN et du nucléo histone. Nous avons utilisé en guise d'activateur une préparation cristallisée de dimédrole dont la structure contient une paire de cycles du benzène. Ceci donne au dimédrole une forte intensité de son spectre LID, qui a l'aspect d'une large bande asymétrique dans le diapason de 280 à 350 nm.

Nous utilisons un laser à vapeurs de cuivre, pour réaliser le pompage des échantillons à l'étude. Ce laser fonctionne dans un régime à impulsions périodiques à la fréquence de 10kHz, à la puissance de 1 à 3w, avec une puissance pic de 10^6 W, des longueurs d'onde de 510,8 et 578,2 nm (lignes verte et jaune). Durées des impulsions 10 et 20 ns. Le faisceau laser était envoyé sur l'échantillon à l'étude sous forme d'un spot de focalisation de 2 à 3 mm. L'utilisation d'un tel laser comme initiateur de LID s'est avéré très efficace lors de l'étude des spectres d'oscillation électronique des protéines, de l'ADN, du nucléo histone et de leurs composants (purines, pyrimidines, acides aminés, [19, 30]). L'appareillage d'enregistrement était composé ainsi: un filtre pour extraire les lignes laser de longueur d'onde 510,8 et 578,2 nm, un filtre pour extraire les rayonnements de luminescence dans les UV, et le diapason violet (avec effacement du rayonnement laser), un monochromateur (type MDR2) pour pouvoir balayer le spectre dans un large intervalle (des UV jusqu'au spectre visible), un enregistreur graphique à deux axes, pour l'enregistrement des spectres, un testeur du signal porteur, permettant l'évaluation de l'efficacité du signal étudié. Nous utilisons une impulsion stroboscopique de 25 à 30 ns pour neutraliser les bruits thermiques, synchronisée avec l'impulsion excitatrice. L'enregistrement de l'impulsion secondaire était réalisé à l'aide du FEU130. L'études des spectres LID de la préparation à cristaux liquides, de l'ADN {44} mélangé au dimédrole (ADN-DL) et du nucléo histone (NH-DL) ont montré que l'amplitude LID du spectre ADN-DL n'est que légèrement moindre de celle du LID du dimédrole pur. Ceci permet un accroissement substantiel du LID du mélange ADN-DL, par rapport à une préparation de pur ADN, sous forme d'un gel rigide [19]. On découvre dans ce spectre un ensemble de particularités complémentaires des mélanges à l'étude. Il s'est avéré que le débit quantique LID pour le mélange NH-DL est plus faible que pour le mélange ADN-DL. Une autre caractéristique c'est la durée d'allumage et d'extinction de LID. Pour NH-DL on constate un accroissement de la durée de LID. On a l'effet inverse pour ADN-DL. La présence de structures vibroniennes dans les spectres LID sous forme de bandes se recouvrant dans la

région de 310 à 370 nm, particulièrement pour ADN-DL, présente un intérêt: Une telle structure est proche de celles observées dans les spectres LID pour les nucléosides- triphosphates [19].

Le mécanisme de l'accroissement sensible du rendement quantique des LID du nucléo histone et de l'ADN, en présence de l'activateur de donneur (dimédrole) peut s'expliquer par un transfert rapide, par quasi résonance, depuis les molécules excitées du dimédrole vers les structures génétiques à l'étude. La structure fine à raies multiples des spectres LID est corrélée avec le caractère des raies vibroniennes pour une série de composés aromatiques et hétérocycliques, y compris les nucléosides-triphosphates purs et l'ADN [19]. L'apparition d'une telle sorte d'échantillonnage des spectres peut s'interpréter par le transfert d'électrons des molécules biologiques depuis le pole électronique S_1 vers les niveaux oscillatoires excités S_0 . En relation avec cela on pourrait réaliser une inversion de densité de population sur la transition S_1 - S_2 sous condition d'une densité suffisante en S_1 .

Essayons de faire une évaluation à l'aide d'une intensité I_0 du faisceau laser pour la création de l'inversion (super fluorescence) dans les conditions où sont réalisées les expériences.

Les conditions de l'inversion de charge peuvent s'exprimer ainsi :

$$N_1 g_v / N_0 g_1 > 1, (1)$$

où N_1 est la densité des molécules dans l'état S_1 , N_0 , la densité des molécules dans l'état S_0 , g_1 et g_v sont les poids statistiques des niveaux quantiques correspondants.

$$N_1 g_v / N_0 g_1 = P_1 / U_1, (2)$$

où $P_1 (c^{-1})$ est la vitesse remplissage de la densité de population du niveau S_1 , $U_1 (c^{-1})$ est la vitesse de destruction de la densité de population par le fait du processus de rayonnement et /ou des processus non radiants.

P_1 est évalué selon la formule : $P_1 = W / 2h\nu\tau V_{eff} N_0, (3)$

où W et τ sont l'énergie et la durée de l'impulsion laser, $V_{eff} = S / \beta l_0$ le volume efficace où se produit l'absorption de photonique (S est l'aire de la section transversale du faisceau focalisé de lumière qui atteint l'échantillon à l'étude, βl_0 la profondeur effective de pénétration du faisceau laser dans l'échantillon), N_0 est la densité des molécules biologiques (ADN ou nucléo histones). {45}

Compte tenu des équations (1) et (3), la condition pour la création d'une charge inversée de la super fluorescence s'exprime ainsi :

$$I_0 > 2h\nu N_0 S U_1 \tau / W \beta$$

$$N_0 = \frac{1}{3} 10^{26} m^{-3}$$

En utilisant les données caractéristiques :

$h\nu$ vaut 5×10^{-19} Joules, pour $\lambda = 400$ nm.

τ_1 vaut 10 ns, $S = 10^{-5} \text{ m}^2$, $U_1 = 10^8 \text{ s}^{-1}$, $W = 0,2 \text{ Joules}$.
 $\beta = 5 \times (10^{-9} + 10^{-10}) \text{ mWt}^{-1}$

ce qui donne une évaluation : $I_0 \geq 3(10^{11} + 10^{12}) \text{ Wt} \cdot \text{m}^{-2}$

Ce qui est proche des valeurs d'intensité utilisées dans nos expériences.

Les recherches expérimentales et leurs évaluations théoriques forment une base permettant de supposer avec certitude, que lors des régimes utilisés d'excitation di photonique, avec l'utilisation de l'activateur dimédrole dans les structures génétiques in vitro, il se produit un accroissement de la luminescence, c'est à dire que les rayonnements de l'ADN et du nucléo histone ont un caractère de super fluorescence.

Il n'est pas exclu que le rôle de produits semblables au dimédrole, en guise d'activateur, pourraient être joué par des composés endogènes agissant directement ou non sur l'ADN et les chromosomes: (les hormones stéroïdiennes, le carbohydrates, les nucléosides, les mono, di, tri phosphates, certaines vitamines (par exemple la riboflavine), les acides aminés aromatiques et hétéro cycliques, le catéchol et les indolalkylamines, certaines antibiotiques, des narcotiques (par exemple les morphines endogènes, les métabolites de l'éthanol, les peptides-endorphines), les alcaloïdes, les toxines, les cofacteurs de ferments, des protéines contenant de l'hème, et bien d'autre composés organiques contenant des composés benzéniques et hétéro cycliques.

Les conditions de réalisation de l'inversion de densité électronique des structures des gènes in vivo, proches de celles que nous avons utilisé dans les régimes de LID, ne sont pas claires. De telles situations peuvent se créer dans les systèmes biologiques, par exemple à l'occasion d'interactions photon-photoniques, dans le cadre de la théorie de Dike²⁷.

En tout cas cela se rapporte à des mécanismes purement physiques. Pour ce qui est des processus physico-biochimiques, entraînant une excitation laser de l'ADN, et des chromosomes in vivo, on peut prévoir, dans ce cas, la présence dans les systèmes biologiques de puissants systèmes générateurs d'ATP, fournissant l'énergie nécessaire à la conversion des structures génétiques dans un état bio-cohérent (analogue à celui qui est exposé dans ce chapitre comme un cas particulier).

Etude théorique de faisabilité de création d'un laser sur des modes de Frölich [3]

Dans le présent chapitre, il est discuté et analysé la possibilité de création d'un état super excité du mode de Frölich, collectif, fondamental, au prix d'une interaction de résonance électromagnétique (modulé en amplitude) , de rayonnement cohérent, à l'aide d'un résonateur de Frölich. Dans le cadre de notions de la physique du laser,

²⁷ Ke-Hsueh Li. In Recent Advances in BIOPHOTON RESEARCH, and its Applications. Eds- Popp F.A., Li K.H and Gu Q. // World Scientific. Singapore-,New Jersey-,London-,Hong Kong. Chapter 5.// Coherent Radiation from DNA Molecules.1992. P.157 -195.

il est question de la création d'une inversion de densité de population entre les niveaux quantiques {46} du mode oscillatoire isolé, et enfin de la réalisation « in vitro-in vivo » d'une super fluorescence et d'une génération laser avec l'utilisation de molécules ADN, ARN et de protéines, en tant que corps actifs, ainsi que de structures supra moléculaires comme des ribosomes, des poly ribosomes et des chromosomes.

Nous devons souligner que contrairement à l'approche Frölich, où on sous-entend un état de quasi déséquilibre (la température d'oscillation du mode isolé surpasse la température du « bain chaud » : $T_{vib} > T_{eq} > 0$, c'est à dire que les oscillations sont quasi équilibrées), dans le présent travail on évalue les conditions auxquelles le système des bio-substrats est inversé ($T_{vib} < 0$), ce qui est en lien directe avec la création de l'inversion de densité de population.

Ainsi le mode de Frölich est simulé par un système quantique à deux niveaux. Le niveau 1: l'état initial, le niveau 2: l'état supérieur, qui est excité par résonance, par un champ électrique, modulé en amplitude :

$$E(t) = E_0 g(t) \cos \omega t, \quad (1)$$

où E_0 est l'amplitude de la tension du champ, $g(t)$ le facteur de modulation,

$$\omega = \omega_{21} \quad (\omega_{21} \text{ est la fréquence de la transition } 1 \rightarrow 2).$$

Le processus d'excitation du mode est décrit par l'équation de Boltzmann pour la matrice de densité :

$$i\hbar \left(\frac{\partial \hat{\rho}}{\partial t} + \frac{\hat{\rho} - \hat{\rho}_0}{\tau} \right) = [\hat{H} \hat{\rho}], \quad (2)$$

où l'opérateur du hamiltonien dans son approximation dipôle a la forme suivante :

$$\hat{H} = \hat{H}_0 - E(t) \hat{\mu}$$

Où $H_0 = \hbar \omega_{21} \hat{\epsilon}$ est le hamiltonien du système isolé à double niveau.

A l'opérateur $\hat{\epsilon}$ il correspond la matrice aux éléments :

$$\epsilon_{11} = \epsilon_{12} = \epsilon_{21} = 0, \quad \epsilon_{22} = 1$$

$\hat{\epsilon}$ est l'opérateur de projection du moment induit dipolaire de l'oscillateur dans la direction du champ.

$\hat{\rho}_0$ est la matrice d'équilibre de la densité .

est le temps de relaxation, introduit pour la phénoménologie : ($\tau = T_1$ pour les éléments diagonaux, $\tau = T_2$ pour les autres).

L'équation de Boltzmann (2) est équivalente au système d'équations pour les éléments de la matrice de densité suivant ($\rho_{ik}; i, k=1,2$):

$$\begin{aligned}
i\hbar(\dot{\rho}_{11} + (\rho_{11} - 1)/T_1) &= E(t)(\mu_{21}\rho_{12} - \mu_{12}\rho_{21}), \\
i\hbar(\dot{\rho}_{12} + \rho_{12}/T_2) &= -\hbar\omega_{21}\rho_{12} - E(t)\mu_{12}(\rho_{22} - \rho_{11}), \\
i\hbar(\dot{\rho}_{21} + \rho_{21}/T_2) &= +\hbar\omega_{21}\rho_{21} + E(t)\mu_{21}(\rho_{22} - \rho_{11})
\end{aligned} \tag{3}$$

compte tenu du niveau de normalisation $\rho_{22} + \rho_{11} = 1$ (4)

Il n'est pas difficile de montrer que le système (3) peut se réduire à l'équation suivante $-\exp(2i\omega_{21}t)$ (on a négligé les harmoniques secondes) :

$$\begin{aligned}
\dot{\rho}_{22} + \left[\frac{1}{T_1} + \frac{1}{T_2} - \frac{\dot{g}(t)}{g(t)} \right] \rho_{22} + \\
\left[\frac{1}{T_1} \left(\frac{1}{T_2} - \frac{\dot{g}(t)}{g(t)} \right) + \Omega_0^2 g^2(t) \right] \rho_{22} = \frac{\Omega_0^2}{2} g^2(t)
\end{aligned} \tag{47}$$

$$\dot{\rho}_{22}(0) = \rho_{22} = 0, \tag{5}$$

où $\Omega_0 = E_0 \mu_{21} / \hbar$ est la fréquence de Rabi.

Remarquons que la modulation d'amplitude du champ n'entraîne pas seulement aux modulations de fréquence de Rabi, mais aussi à la modulation du « coefficient de frottement » de l'oscillateur.

Plus bas nous étudions les cas $T_1 = T_2 = T$. On peut montrer que l'équation (5) admet une solution exacte pour la fonction dérivée $g(t)$:

$$\begin{aligned}
\rho_{22} &= 1/2[1 - G(t)] \tag{6} \\
G(t) &= e^{-t/T} \cos \tau(t) + \frac{e^{-t/T}}{T} \int_0^t \cos[\tau(t) - \tau(t')] e^{t'/T} dt' \\
\tau(t) &= \Omega_0 \int_0^t g(t') dt' \tag{7}
\end{aligned}$$

Considérons le cas d'une modulation d'amplitude périodique de la tension du champ $g(t) = \cos \nu t$. (8)

Si la période de modulation $T\nu = 2\pi/\nu$ est plus courte que le temps de relaxation ($T\nu \ll T$), alors pour un temps t tel que $T\nu \ll t \ll T$ l'homogénéisation (6) pour

une période $T\nu$, va donner:

$$\langle \rho_{22} \rangle = 1/2 \left[1 - J_0\left(\frac{\Omega_0}{\nu}\right) \right] \quad (9)$$

Et en conséquence, (4): $\langle \rho_{11} \rangle = 1/2 \left[1 + J_0\left(\frac{\Omega_0}{\nu}\right) \right]$ où J_0 est la fonction de Bessel de degré zéro. Donc pour les différences de densité de population des niveaux 1 et 2, nous obtenons:

$$\Delta\rho = \langle \rho_{22} \rangle - \langle \rho_{11} \rangle = J_0\left(\frac{\Omega_0}{\nu}\right). \quad (10)$$

De (10) il découle, nettement que dans le diapason du paramètre x ,

$$x = \Omega_0 / \nu, \Delta x_k \in (x_{2k}, x_{2k} - 1)$$

où $k=1,2,\dots$ et les x_{2k-1} sont les racines de la fonction de Bessel, et la probabilité de densité de population de niveau 2 dépasse celle de niveau 1 : Autrement dit nous avons un état d'oscillateur, inversé et surexcité, ce qui constitue la condition indispensable pour la création de conditions de génération laser ($\rho_{22} > 1/2$). Ici la situation est semblable à celle où un pendule est mis en oscillation, avec un point de suspension pulsant (le pendule de Kapitza, discussion classique²⁸)

Pour des durées plus longues $t \gg T$, la fonction $G(t)$ qui appartient à (6), a la forme:

$$G(t) = P(t) \cos\left(\frac{\Omega_0}{\nu} \sin \nu t\right) + Q(t) \sin\left(\frac{\Omega_0}{\nu} \sin \nu t\right),$$

$$P(t) = \sum_{n=-\infty}^{\infty} \frac{J_{2n}(\Omega_0/\nu)}{[1 + (2n\nu T)^2]} \cos 2n\nu t + 2n\nu T \sin 2n\nu t$$

$$Q(t) = 2 \sum_{n=0}^{\infty} \frac{J_{2n+1}(\Omega_0/\nu)}{[1 + ((2n+1)\nu T)^2]} \left[\sin(2n+1)\nu t - (2n+1)\nu T \cos(2n+1)\nu t \right], \quad (11)$$

²⁸ Kapitza P.L. // Usp.Fiz.Nauk. (in Russian).1951. V.44. P.7.

où J est la fonction de Bessel du degré correspondant. {48}

Une déduction importante découle de (11) : Le mécanisme cohérent d'interaction des modes de Frölich avec un champ à modulation d'amplitude conditionne des oscillations non amorties des éléments diagonaux de la matrice de densité pour des temps t supérieurs aux durées de relaxation du système, et en même temps les fréquences de pulsation sont en parité avec la fréquence de modulation ν .

En homogénéisant (11) pour la période T_ν , nous obtenons:

$$\langle G(t) \rangle = \sum_{n=-\infty}^{\infty} \frac{J_n(\Omega_0 / \nu)}{[1 + (n\nu T)^2]} = \frac{\pi x}{sh\pi x} J_{ix}\left(\frac{\Omega_0}{\nu}\right) J_{-ix}\left(\frac{\Omega_0}{\nu}\right), \quad (12)$$

où l'on a $x = (\nu T)^{-1}$, $J_{\pm ix}$ les fonctions de Bessel de degré imaginaire (i l'unité imaginaire). Dans le cas particulier, lorsque T_ν est plus court que le temps de relaxation T , $x \ll 1$,

$$\langle \rho_{22}(\infty) \rangle = 1/2 \left(1 - J_0^2\left(\frac{\Omega_0}{\nu}\right) \right), \quad \langle \rho_{11}(\infty) \rangle = 1/2 \left(1 + J_0^2\left(\frac{\Omega_0}{\nu}\right) \right), \quad (13)$$

et ainsi,

$$\langle \rho_{22}(\infty) \rangle - \langle \rho_{11}(\infty) \rangle = - J_0^2\left(\frac{\Omega_0}{\nu}\right) \leq 0. \quad (14)$$

Dans le cas présent il n'y a pas d'effet d'inversion.

Considérons le cas où la loi de modulation est fixée par l'équation:

$$g(t) = 1 + \gamma \cos \nu t. \quad (15)$$

Par analogie avec le précédent pour la fonction $G(t)$ appartenant à (6) on peut obtenir ($T_\nu = 2\pi / \nu \ll t \ll T$)

$$G(t) = \sum_{n=-\infty}^{\infty} J_n\left(\gamma \frac{\Omega_0}{\nu}\right) \cos(\Omega_0 - n\nu)t. \quad (16)$$

Avec la fonction (16) on peut voir que le spectre de pulsation des éléments diagonaux de matrice ρ_{22} et ρ_{11} inclus, en plus des fréquences de Rabi, les

fréquences combinées de « Stokes » et « d'anti Stokes »,

$|\nu_n = \Omega_0 \pm n\nu (n = 1, 2, \dots)$. Si nous admettons que pour certaines valeurs de n la

condition suivante est réalisée : $\Omega_0 = n\nu$, c'est à dire $q_{n1} = \frac{\Omega_0}{\nu} = n$, (17)

Dès lors il découle de (16) un décalage de la composante constante des probabilités ρ_{22} et ρ_{11} . L'état d'équilibre dynamique est associé aux valeurs:

$$\langle \rho_{22} \rangle = 1/2 (1 - J_n(n\gamma)), \quad \langle \rho_{11} \rangle = 1/2 (1 + J_n(n\gamma)), \quad (18)$$

dès lors $\Delta\rho = \langle \rho_{22} \rangle - \langle \rho_{11} \rangle = -J_n(n\gamma)$

L'effet d'inversion ($\Delta\rho > 0$) est obtenu sous la condition:

$$\Delta\rho = \langle \rho_{22} \rangle - \langle \rho_{11} \rangle = -J_n(n\gamma)$$

Si le paramètre de profondeur de modulation γ se trouve dans la zone où les valeurs de la fonction de Bessel J_n sont négatives, alors le régime de surexcitation du système (des molécules biologiques d'information et des structures supra moléculaires) est réalisé.

Dès lors l'idée du principe de la faisabilité de biolasers dans des modes de Frölich, in vitro, est concrétisée : mais aussi l'initialisation de tels processus dans une cellule vivante en complément (ou bien pour la rectification) de processus connus, naturels, semblables au laser, dans les systèmes biologiques. Il est démontré que dans des conditions particulières, dans le cas d'interaction cohérente (de résonance), d'un rayonnement à modulation d'amplitude électromagnétique en mode Frölich, le système de structures biologiques peut {49} exister dans un état surexcité, ce qui constitue une préliminaire indispensable pour la création de biolasers sémiotiques.

Il est indispensable de noter que le mécanisme de formation des biolasers fondés sur des molécules ADN, décrit ci-dessus, permet d'approcher d'une tentative de réalisation d'encore une hypothèse fondamentale de Frölich sur la possibilité de transfert d'énergie kT par pompage depuis le liquide cytoplasmique d'une cellule vers l'énergie d'oscillations électriques dans la molécule d'ADN²⁹. En relation avec cette hypothèse, les oscillations thermiques, stochastiques, kT de la solution, peuvent interagir par résonance, (dans un domaine de fréquences déterminé) avec les modes oscillatoires de la molécule d'ADN, et cela grâce au fait que la molécule ADN, autant que celles des protéines, constituent des structures non linéaires réparties qui permettent de regrouper une partie de l'énergie dans des modes de basse

²⁹ Frolich H. // Int.J.Quant.Chem. 1968. V.2. P.641.

fréquence de ces molécules. Autrement dit la molécule ADN en solution est capable de transformer l'énergie d'oscillations kT en énergie de ses modes propres. Remarquons que même dans le cadre de l'approche quasi linéaire du problème, le transfert de l'énergie thermique de la solution peut être ramenée au mécanisme d'amortissement de l'oscillateur quantique qui a été proposé par A. Pippard³⁰. En tenant compte de ceci on introduit dans l'équation de Schrödinger un potentiel complexe, qui traduit le transfert d'énergie de l'oscillateur à un grand nombre de modes d'un résonateur sphérique en expansion. Si les dimensions de ce résonateur sont finies, comme c'est le cas d'une cellule vivante, alors il s'installe un échange d'énergie par résonance entre les modes kT de la solution et les modes électriques de la molécule ADN. Ces raisonnements vont également dans le sens où dans un électrolyse cristallo-liquide de l'espace cellulaire et tissulaire du système biologique, les molécules génétiques peuvent fonctionner comme des biolasers.

Il convient de pointer un fait essentiel concernant la possibilité de principe de la réalisation de l'excitation des modes de Frölich « in vitro » sur la voie biochimique, plus précisément aux dépens de l'énergie d'hydrolyse de l'ATP et d'autres nucléosides-triphosphates, mais aussi d'autres liaisons macro énergétiques de la cellule vivante. Dans le cas présent nous allons répéter artificiellement ce qui a été donné aux systèmes biologiques, par l'évolution et/ou par d'autres moyens, en tant que figure d'informationnelle et énergétique de base. Cette partie de nos recherches pose des problèmes d'éthique et de moralité dans l'utilisation des biolasers

Formalisme physico-mathématique d'un modèle d'antenne [16]

Nous avons noté plus d'une fois que le fonctionnement de tout un ensemble de macromolécules biologiques (en particulier des ferments) et d'autre composés biologiques était déterminé essentiellement par des processus se déroulant dans des centres actifs, entourés de chaînes de bio polymères, ayant une topologie sémiotique. En partant d'une telle représentation de la structure des molécules biologiques d'information, il serait naturel de supposer que leurs interactions avec des champs physiques externes au système biologique, et avec ceux des rayonnements internes au système, induisent des excitations oscillatoires dipolaires des monomères constituant la chaîne donnée, et celle-ci à son tour induit les oscillations dans son centre actif. Autrement dit un tel système va fonctionner {50} comme une espèce d'antenne. Ces excitations sont capables d'amener le passage des macromolécules biologiques dans un autre état de conformation (topologique, sémiotique).

Une telle conception est adéquate, dans son principe, avec toute une suite de macromolécules biologiques fonctionnellement emblématiques, par exemple la chlorophylle, l'hémoglobine, la myoglobine etc. ces macromolécules ont en commun deux propriétés structurelles:

1-Elles ont toute un ion disposé au centre géométrique (la chlorophylle possède un ion Magnésium, l'hémoglobine possède un ion Fer).

³⁰ Pippard A.B. // The Physics of Vibration. Cambridge University Press. 1983.

2-Autour du ion sont disposés symétriquement quatre cycle pyroles (structure pseudo coplanaire).

D'autres types de bio polymères correspondant au modèle d'antenne, pourrait bien être des cycles relativement simples de la Valliomycine (transporteur d'ions Sodium) et d'autres structures supra moléculaires des chromosomes, de l'ADN, qui contiennent des associés hautement organisés de métaux tels que le Magnésium, le Potassium, le Calcium, le Nickel, le Cobalt, le Cuivre, le Fer, le Zinc et d'autres. Cependant leur rôle n'est pas clair et se résumerait d'après les recherches, essentiellement à la neutralisation des groupes OH⁻, qui sont des résidus d'acide phosphorique des polynucléotides. Il apparaît que les fonctions des métaux dans l'ADN et l'ARN sont bien plus larges et se réalisent sur la ligne des interactions sémiotiques et/ou énergétiques avec des champs physiques endogènes et exogènes par rapport au système biologique. Ceci est également vrai pour les protéines ne contenant pas de centre à porphyrine, mais liant des métaux de façon spécifique. Par exemple on peut considérer comme tels les protéines site-spécifiques, avec des domaines du type « *doigts de Zinc* », participants à la régulation des gènes parfois très éloignés de ces protéines dirigeantes. Les atomes de métaux de l'ADN et des protéines peuvent interférer par résonance, avec les canaux électromagnétiques, dans le cadre de notions du modèle d'antenne. Encore une fois décrivons cette notion du modèle d'antenne.

L'énergie extérieure (liée en particulier à l'interaction de résonance des rayonnements électromagnétiques UHF des protéines) parvient à la périphérie, c'est à dire à l'ensemble des sous-unités (pas forcément identiques par leur structure). À la suite d'un « dialogue » actif, conditionné par des liens biochimiques, entre des accepteurs périphériques (qui ont reçu une énergie encodée) et le centre-associé (dans le cas présent un ion métal des protéines contenant l'hème), ce dernier reçoit l'énergie (l'information), ce qui induit l'action biologique. Le degré de réactivité des molécules biologiques dépend sensiblement du degré d'excitation des sous-unités centrales. Observons en détail les mécanismes potentiels des interactions ondulatoires des champs physiques et des centres actifs des molécules biologiques d'information, dans le cadre du modèle d'antenne que nous proposons.

En guise de modèle simplifié, utile à l'illustration de l'effet d'antenne, considérons une boucle fermées, (cyclique) bidimensionnelle, de monomères. Au centre du cycle se trouve le centre actif, lié aux monomères par une interaction dipôle à dipôle.

Représentons les coordonnées de déplacement des monomères par x_1, \dots, x_n , et le déplacement du centre actif par y . Nous avons l'expression suivante pour la fonction du potentiel:

{51}

$$\begin{aligned}
 U(x_1, \dots, x_N, y) = & \sum_k \left[\omega_x^2 x_k^2 + \frac{\xi_x}{3} x_k^3 \right] + \omega_y^2 y^2 + \frac{\xi_y}{3} y^3 + \\
 & + \sum_k \frac{\omega_{xx}}{2} \left[(x_k - x_{k-1})^2 + (x_k - x_{k+1})^2 \right] + \quad (1) \\
 & + \sum_k \frac{\xi_{xx}}{3} \left[(x_k - x_{k-1})^3 + (x_k - x_{k+1})^3 \right] + \dots
 \end{aligned}$$

Les deux premiers membres de (1) correspondent aux oscillations des monomères. (Le second terme tient compte de la disharmonie) ; Les deux derniers membres rendent compte du lien entre les monomères. Les autres membres correspondent au lien entre les monomères et le centre actif.

L'équation du mouvement sera représentée ainsi :

$$\ddot{x}_k + 2\lambda\dot{x}_k = \frac{\partial U}{\partial x_k} + f(t), \quad \ddot{y} + 2\lambda\dot{y} = \frac{\partial U}{\partial y}, \quad (2)$$

Où l'on a $f(t) = f_0 \cos \omega t$ est la force monochromatique extérieure, n'agissant que sur les monomères. λ étant le coefficient d'amortissement, introduit par la phénoménologie. (Il a la même valeur, par simplification, pour les monomères et le centre actif).

Par l'existence de (1), l'expression (2) prend la forme :

$$\begin{aligned} \ddot{x}_k + \lambda\dot{x}_k = & -\omega_x^2 x_k - \xi_x x_k^2 - \omega_{xx}^2 (x_{k-1} - 2x_k + x_{k+1}) + \\ & + \omega_{xy}^2 (y - x_k) + \xi_{xy} (y - x_k)^2 + f(t), \end{aligned} \quad (3)$$

$$\ddot{y} + \lambda\dot{y} = -\omega_y^2 y - \xi_y y^2 - \omega_{xy}^2 \sum_{k=1}^N (y - x_k) + \xi_{xy} \sum_{k=1}^N (y - x_k)^2,$$

$$\begin{aligned} x_k + \lambda\dot{x}_k + (\omega_x^2 + \omega_{xy}^2)x_k - \omega_{xy}^2 y = \\ = -\omega_{xx}^2 (x_{k-1} - 2x_k + x_{k+1}) + \omega_{xy}^2 x_k + \xi_{xy} (y - x_k)^2 + f(t), \end{aligned} \quad (4)$$

$$y + \lambda\dot{y} + (\omega_y^2 + \omega_{xy}^2 N)y - \omega_{xy}^2 \sum_{k=1}^N x_k = \xi_y y^2 - \xi_{xy} \sum_{k=1}^N (y - x_k)^2.$$

Introduisons la coordonnée commune pour l'ensemble des monomères :

$$x = \sum_{k=1}^N x_k. \quad (5)$$

Alors le système (4), dans une approximation linéaire, devient :

$$\begin{aligned} \ddot{x}_k + \lambda\dot{x}_k + \omega_1^2 x_k - \omega_0^2 y = -\Omega_0^2 (x_{k-1} - 2x_k + x_{k+1}) + \xi_x x_k^2 + f(t), \\ \ddot{y} + \lambda\dot{y} + \omega_2^2 y - \omega_0^2 x = 0, \end{aligned} \quad (6)$$

où : {52}

$$\omega_1^2 = \omega_x^2 + \omega_{xy}^2,$$

$$\omega_2^2 = \omega_y^2 + N \omega_{xy}^2,$$

$$\omega_0^2 = \omega_{xy}^2,$$

$$\Omega_0^2 = \omega_{xx}^2,$$

Et N étant le nombre de monomères.

Compte tenu de (5), nous avons :

$$x + \lambda x + \omega_1^2 x - N \omega_0^2 y = N f(t), \quad (7.1)$$

$$y + \lambda y + \omega_2^2 y - \omega_0^2 x = 0. \quad (7.2)$$

(7.2) entraîne :

$$x = \frac{1}{\omega_0^2} (y + \lambda y + \omega_2^2 y) = 0. \quad (8)$$

L'introduction de (8) dans (7.1) va donner :

$$y^{(4)} + 2\lambda y^{(3)} + (\omega_1^2 + \omega_2^2 + \lambda) y^{(2)} + \lambda(\omega_1^2 + \omega_2^2) y^{(1)} + (\omega_1^2 \omega_2^2 + N \omega_0^4) y = N \omega_0^4 f(t).$$

(9)

L'équation caractéristique a la forme suivante (après la transformation de $y = e^{kt}$ en équation uniforme) :

$$(k^2 + \lambda k + \omega_1^2)(k^2 + \lambda k + \omega_2^2) = N \omega_0^4. \quad (10)$$

Si nous représentons :

$$z_k = k^2 + \lambda k,$$

nous aurons :

$$z^2 + (\omega_1^2 + \omega_2^2)z + \omega_1^2 \omega_2^2 - N \omega_0^4 = 0,$$

Dès lors :

$$| z_{1,2} = -\frac{1}{2}(\omega_1^2 + \omega_2^2) \pm \sqrt{(\omega_1^2 + \omega_2^2)^2 + \omega_1^2 \omega_2^2 - N \omega_0^4}. \quad (11)$$

Pour la suite on suppose que l'inéquation suivante est appliquée :

$$\omega_1^2 < \frac{\omega_1^2 \omega_2^2}{\sqrt{N}}, \quad \lambda < \sqrt{\omega_1^2 + \omega_2^2}. \quad (12)$$

La première condition correspond au cas d'une liaison faible entre le monomère et le centre actif, le second correspond au faible amortissement des oscillateurs des monomères :

Les valeurs propres sont les suivantes :

$$k_{1,2} = -\frac{\lambda}{2} \pm \sqrt{\Omega_1^2 - \frac{\lambda^2}{4}}, \quad k_{3,4} = -\frac{\lambda}{2} \pm i\sqrt{\Omega_1^2 - \frac{\lambda^2}{4}}, \quad (13)$$

où sont introduites les fréquences collectives :

$$\Omega_1 = \left\{ \frac{1}{2}(\omega_1^2 + \omega_2^2)^2 + \left[\frac{1}{4}(\omega_1^2 - \omega_2^2)^2 + N\omega_0^4 \right]^{\frac{1}{2}} \right\}^{\frac{1}{2}},$$

$$\Omega_2 = \left\{ \frac{1}{2}(\omega_1^2 + \omega_2^2)^2 - \left[\frac{1}{4}(\omega_1^2 - \omega_2^2)^2 + N\omega_0^4 \right]^{\frac{1}{2}} \right\}^{\frac{1}{2}}. \quad (14)$$

Ce qui nous intéresse ce sont les oscillations forcées, la force extérieure étant :
 $f_0 \cos \omega t$

$$y = A \cos \omega t + B \sin \omega t, \quad (15)$$

{53} Si on substitue (15) dans (9) et l'identification des coefficients correspondants en ayant $\cos \omega t$ et $\sin \omega t$ vont donner le système algébrique suivant :

$$\begin{cases} A(\omega^4 + \alpha_2 \omega^2 + \alpha_0) - B(2\lambda \omega^3 + \alpha_1 \omega) = F_0 \\ A(2\lambda \omega^3 + \alpha_1 \omega) - B(\omega^4 + \alpha_2 \omega^2 + \alpha_0) = 0 \end{cases}$$

où l'on a :

$$\alpha_0 = \omega_1^2 \omega_2^2 + N\omega_0^4,$$

$$\alpha_1 = \lambda(\omega_1^2 + \omega_2^2),$$

$$F_0 = N\omega_0^2 f_0.$$

Finalement nous obtenons :

$$y = \frac{F_0}{\sqrt{p^2 + q^2}} \cos(\omega t + \varphi),$$

$$p = (\omega^2 - \omega_1^2)(\omega^2 - \omega_2^2) + \lambda^2 \omega^2 + N\omega_0^4,$$

$$q = \lambda \omega (2\omega - \omega_1^2 - \omega_2^2),$$

où

$$\tan \varphi = \frac{q}{p}.$$

Après quelques mises en forme indispensables et assez lourdes, nous obtenons :

$$y = \frac{N\omega_0^2 f_0 \cos(\omega t + \varphi)}{\sqrt{(\omega^2 - \Omega_1^2)(\omega^2 - \Omega_2^2) + \omega^2 \lambda^2 [\omega^2 \lambda^2 + (\omega^2 - \Omega_1^2)^2 + (\omega^2 - \Omega_2^2)^2]}}. \quad (16)$$

Nous voyons depuis (16) que la plus grande des amplitudes des oscillations forcées du centre actif s'obtient dans les conditions de résonances collective : Soit pour $\omega = \Omega_1$ soit pour $\omega = \Omega_2$

Dans les deux cas l'amplitudes des oscillations forcées est :

$$y = \frac{N\omega_0^2 f_0}{\omega \lambda \sqrt{\omega^2 \lambda^2 + (\Omega_1^2 - \Omega_2^2)}}. \quad (17)$$

L'équation (17) entraîne que l'effet le plus important du pompage de résonance du centre actif est atteint pour le nombre le plus élevé des sous-unités de « l'antenne », pour une valeur la plus forte du coefficient de liaison du centre actif avec les monomères, pour le plus faibles des coefficients d'amortissement et pour le plus faible des déséquilibres des modes collectifs.

De même il n'est pas difficile d'établir la « chorégraphie » (la dynamique des oscillations forcées) des diverses unités de monomères. En conformité avec (6), nous écrivons l'équation pour le $K_{i\text{ème}}$ monomère, sous la forme suivante :

$$\ddot{x}_k + 2\lambda \dot{x}_k + \omega_0^2 x_k = \Omega_0^2 (x_{k-1} - 2x_k + x_{k+1}) + \omega_0^2 y + f(t). \quad (18)$$

En introduisant les coordonnées collectives :

$$z_m = \sqrt{\frac{2}{N+1}} \sum_{k=1}^N \frac{\sin mk\pi}{N+1} x_k, \quad m = 1, \dots, N$$

et en appliquant la règle de l'algèbre linéaire, nous obtenons, pour les oscillation forcées des monomères : {54}

$$x_k = \sqrt{\frac{2}{N+1}} \sum_{m=1}^N \frac{s_m \sin mk\pi}{\sqrt{(\omega^2 - \nu_m^2)^2 + \lambda^2 \omega^2}} [f_0 \cos(\omega t + \delta_{m1}) + y_0 \cos(\omega t + \delta_{m2})], \quad (19)$$

où

$$\nu_m^2 = \omega_0^2 + \Omega_0^2 \sin^2 \frac{m\pi}{2N+1}, \quad m = 1, \dots, N$$

$$s_m = \sqrt{\frac{2}{N+1}} \cdot \frac{\sin \frac{\pi}{2} m \cdot \sin \frac{\pi}{2} \frac{N}{N+1}}{\sin \frac{\pi}{2} \frac{m}{N+1}},$$

y_0 étant déterminé depuis (16) :

Ainsi dans le cadre du modèle d'antenne, l'effet d'interaction le plus important du champ monochromatique $f(t) = f_0 \cos \omega t$ est obtenu dans les conditions de la résonance collective : $\Omega_1 = \omega$, $\Omega_2 = \omega$.

En reproduisant le raisonnement de la section 2, on peut également faire les déductions suivantes :

- 1- Lors de la modulation d'amplitude du signal extérieur, vont apparaître des possibilités complémentaires d'interaction de résonance avec la molécule biologique, dans les fréquences suivantes :

$$\Omega_{1,2} = \begin{cases} \omega, \\ \omega + \Omega, \\ \omega - \Omega. \end{cases}$$

- 2-Du fait de la non-linéarité, lors de la liaison quadratique pour le signal monochromatique, il s'ajoute une résonance complémentaire sur la seconde harmonique :

$$\Omega_{1,2} = \begin{cases} \omega, \\ 2\omega, \\ 2\omega \pm \Omega, \\ \chi(\omega \pm \Omega). \end{cases}$$

De cette façon, sous l'effet de la résonance du champ électromagnétique sur les molécules biologiques, possédant un centre actif, contenant des atomes de métaux, les effets ondulatoires collectifs jouent un rôle déterminant. Dans ce cas les propriétés du rayonnement lui-même prédéterminent les larges possibilités de l'influence régulatrice sur la dynamique de la molécule biologique dans son ensemble, et en conséquence sur les processus biologiques auxquels elles participent.

Conversion des signaux épigénétiques dans les structures électromagnétiques des solitons, et leur transposition dans le génome d'un accepteur

{55}Le détail des méthodes et des expériences de transmission à distance et de l'activité biologique des solitons électromagnétiques, synthétisés sur la base du phénomène de l'onde en retour de Fermi Pasta Oulam (FPU), et qui sont modulés par des signaux épigénétiques, sont décrits dans le travail de l'auteur [25]. Marquons ici les positions de principe qui distinguent la conception ancienne du travail des gènes en tant que formations purement matérielles, et notre représentation sur les rayonnements sémiotiques, ondulatoires, du continuum chromosomique (« *les gènes ondulatoires* »).

Les expériences réelles et crédibles dans le domaine de la génétique ondulatoire ont été réalisées en premier par Tzian Kandjen. Le bilan de ses travaux est connu.

[Tzian Kandjen. 1993. Le champ électromagnétique comme porteur de l'information bioénergétique.

Aura. Z. n° 3 pages 42-54. (Дзян Каньджэн. 1993. Био-электромагнитное поле □ материальный

Brevet n° 1828665 : « Procédé pour modifier les signes héréditaires d'un objet biologique et l'équipement pour la transmission dirigée de l'information biologique ».

Déclaration n° 3434801. Primauté de l'invention le 30/12/1981, enregistrée le 13/10/1992]

L'instrument de Tzian Kandjen transmettant à distance (sur des dizaines de centimètres) « *les gènes ondulatoires* » du donneur au récepteur, utilise les émissions propres du système biologique du donneur, et l'auteur considère que cela ne se produit que dans le domaine des très hautes fréquences des champs électromagnétiques. L'assise théorique des effets que l'auteur a obtenu à l'aide de cet équipement, est sincèrement très faible et pour dire vrai, elle est fautive. Mais les résultats sont convainquants : Ce sont des « *hybrides* » ondulatoires de blé et de maïs, du tournesol et de l'arachide, du concombre et de citrouille, de poule et de canard, de chèvre et de lapin. Les caractéristiques obtenues par hybridation sont transmissibles héréditairement. Le brillant empiriste Tzian Kandjen a été incapable de comprendre les mécanismes subtils des effets qu'il avait découverts, mais cela ne diminue en rien la signification des résultats, dont l'essence se trouve dans la démonstration de la réalité des « *gènes ondulatoire* ».

À la suite de ces expériences nous avons, confirmé par nos méthodes, la possibilité de principe de l'émission à distance et l'acceptation des signaux épigénétiques de régulation in vivo, sous une forme particulière de champ électromagnétique. Ceci a confirmé une fois de plus les idées de A.G. Gurvitch, A.A. Lioubichtchev, et I.I. Beklemichev mais à un niveau moderne. Il est devenu évident que les « *gènes ondulatoires* » peuvent exister, en particulier comme l'une des formes de l'onde en retour de l'effet FPU, ce qui est bien corrélé avec nos données à propos de l'onde en retour FPU au niveau de la dynamique non linéaire in vitro. C'est précisément ce phénomène fondamental qui a été à la base de la construction du générateur FPU, qui simule approximativement l'acoustique et l'électrodynamique emblématiques de l'ADN in vivo, et qui la rend capable de « lire » et retransmettre les structures de solitons, depuis les chromosomes du donneur, qui régulent le métabolisme des systèmes biologiques et les induit par résonance dans le génome du système biologique de l'accepteur.

Étant donné l'importance de principe du phénomène de simulation des processus FPU dans le génome des systèmes biologiques supérieurs, à l'aide d'équipement particuliers électroniques (générateurs FPU) il conviendrait de s'étendre plus largement sur le phénomène de l'onde en retour FPU.

Ce phénomène a été mis à jour en 1949 comme résultat d'une étude à l'aide d'ordinateurs, de la dynamique d'oscillations dans une chaîne d'oscillateurs non linéaires liés. Contre toute attente, il s'est avéré que l'énergie d'excitation initiale des oscillateurs en tête de la chaîne, {56} ne s'est pas dissipée en chaleur, mais elle s'est distribuée sur des hautes harmoniques, puis elle se regroupait à nouveau dans le spectre de l'excitation initiale. L'accroissement du nombre d'oscillateurs dans la chaînette ne changeait en rien le phénomène de l'onde en retour. On a donné le nom d'onde en retour de Fermi-Pasta-Oulam (FPU), du nom des premiers découvreurs : E. Fermi, D. Pasta et Z. Oulam qui avaient étudié ce phénomène. Par la suite ce phénomène FPU a été retrouvé expérimentalement dans de longues lignes électriques, comportant des éléments non linéaires dans leur plasma, ainsi que dans la dynamique des vagues en eau profonde. Une propriété remarquable de l'onde en

retour FPU a été l'effet « *mémoire* » dans son spectre, par rapport aux conditions initiales de ses modes actifs.

Les résultats des recherches dans le domaine du phénomène FPU, ont permis de considérer théoriquement la molécule d'ADN comme un résonateur FPU³¹. Dans ce modèle, la dynamique de l'onde de densité des électrons se propageant le long des chaînes phosphato-sucrées de la molécule d'ADN, était considérée dans le cadre de l'équation non linéaire de Schrödinger, dans la forme proposée par Yuenn et Laïc, pour la description de la dynamique des ondes de solitons en eau profonde. Ce faisant on a considéré les oscillations de densité d'électrons dans les structures des nucléotides, comme des sources ponctuelles d'excitation, disposées à distances régulières le long des chaînes phosphato-sucrées de l'ADN, lui-même considéré comme une ligne électrique longue.

Par la suite ce modèle a été développé par A. A. Berezine en collaboration avec l'auteur [25]. En particulier on a considéré les champs électriques (E' , E'') des deux chaînes ADN, où E' est l'amplitude moyenne de la tension du champ électrique durant une période d'espace des ondes stationnaires dans la première chaîne ADN, alors que E'' est l'amplitude moyenne de la tension du champ électrique durant une période de temps des ondes stationnaires dans la seconde chaîne ADN. Si l'on admet que les oscillations E' et E'' sont produits par la molécule d'ADN, vers l'espace environnant, alors les champs E' et E'' forment, hors de la molécule ADN, des ondes sphériques. Ce faisant, par le fait de la représentation des ondes stationnaires sous forme de deux fronts d'excitation mobiles, allant à l'opposé l'un de l'autre, depuis la source (l'ADN), une onde sphérique E' centrifuge va diffuser alors que l'onde E'' va converger vers la molécule d'ADN, car les ondes rayonnent depuis la molécule vers le milieu non linéaire du liquide cytoplasmique. La dynamique de ces ondes peut être décrite dans des coordonnées sphériques. La solution particulière pour E'' sera analogue. Il a été obtenu une expression représentant l'intensité de l'onde électrique, dans une sphère d'une épaisseur déterminée, autour de la molécule d'ADN, une sorte de « *hologramme sphérique* », existant dans l'électrolyte de l'espace cellulaire et tissulaire, dans une couche sphérique. Le modèle proposé indique la possibilité d'existence autour de la molécule d'ADN, dans le corps des chromosomes, de solitons sphériques (breezers), acoustique et électromagnétiques qui représentent intégralement la structure du continuum des chromosomes, et qui peuvent se déplacer hors des limites des noyaux des cellules, ou bien de réaliser des mouvements oscillatoires autour d'une certaine position d'équilibre, et qui contiennent des grilles statiques-dynamique et quasi holographiques (en tout cas de diffraction), porteuses d'une charge emblématique épigénétique, sémantique et sémiotique. De telles grilles reflètent l'état spatio-temporel courant ou relativement constant de l'organisme, dans chaque domaine de la structure multidimensionnelle des systèmes vivants supérieurs, où se trouve à cet instant le breeser. La présence d'excitations thermiques (kT) de la molécule d'ADN ainsi que la possibilité d'existence d'anneaux furanes de nucléotides sous forme de deux conformations, induisent {57} une complexification du modèle et rendent indispensable l'introduction de fluctuations de phase de la densité électronique.

³¹ Березин А.А., Гладкий К.С. 1988. Деп. ВИНТИ №904–В88.

Cependant, si on considère que le spectre FPU peut servir comme convertisseur d'oscillations stochastiques en des oscillations déterminées, la composante stochastique de la dynamique d'oscillation de la densité électronique dans la molécule d'ADN doit être l'un de ses attributs.

Générateur de paquets d'ondes isolées (solitons) sous forme d'onde en retour Fermi-Pasta-Ulam

Le présent modèle théorique de la dynamique emblématique, acoustique, électronique de l'ADN a été le fondement de la création d'une famille d'équipements électroniques, générateurs de paquets d'ondes stationnaires sous la forme FPU (des générateurs FPU) destinés à la production d'ondes électromagnétiques (solitons) possédant une caractéristique spatio-temporelle propre aux ondes en retour FPU, qui s'exprime par une alternance d'une structure oscillatoire entre un état ordonné et un état chaotique. Pendant sa phase ordonnée, la forme initiale du paquet ondulatoire et son spectre spatio-temporel se répètent intégralement. Une particularité importante des générateurs FPU est constituée par la structure spatio-temporelle de leur champ, qui s'avère être un modèle physique assez simple de la structure oscillatoire de l'ADN. Cette propriété permet d'utiliser ces générateurs dans des expériences d'étude des oscillations propres des préparations d'ADN et sur les interactions mutuelles d'information des systèmes biologiques, dont on a parlé précédemment.

Les premiers modèles de ces générateurs ont été créés par A. A. Berezine et ses coauteurs en 1988-1989. Puis, en 1991, ils ont été complétés dans leur principe par P. P. Gariaev et G. G. Komissarov, par l'ajout dans leur schéma d'une entrée codante acoustique.

Le schéma de principe d'un générateur contient un résonateur FPU, sous forme de deux longues lignes, auxquelles sont connectés des éléments non linéaires (diodes tunnel). La tension de polarisation des diodes tunnel est imposée par des stabilisateurs à transistors. Le choix du point de fonctionnement des diodes, et le moyen de leur connexion au résonateur FPU, assurent la forme et le spectre des oscillations du générateur, qui correspondent aux oscillations normales d'une grille à une dimension, d'oscillateurs non linéaires, faiblement reliés (anharmoniques) avec des conditions périodiques limites, lors desquels on assiste au phénomène FPU. Il est possible d'utiliser un microphone à charbon, pour moduler le champ du générateur, par des signaux acoustiques externes. Le générateur est alimenté par deux accumulateurs.

Grâce au générateur FPU et des embryons donneurs, il a été possible de créer à distance (20cm, 2m) l'induction embryonnaire de dérivées neurales et mésodermes dans le tissu ectodermique d'une gastrula jeune de grenouille. On a également obtenu des résultats de restauration de la structure native depuis des structures aberrantes de chromosomes de blé et d'orge, créés par des radiations [25, 29]. Ceci montre la réalité d'existence et de simulation de champs électromagnétiques emblématiques de niveau génétique, qui régulent le métabolisme stratégique des systèmes vivants, leur hérédité, et qui confirment les résultats assez proches obtenus par Tzian Kandjen. {58}

Unité de structure fractale des « textes » ADN et des textes des langues naturelles

Il existe également une autre niche sémantique des processus sémiotiques dans l'appareil héréditaire des systèmes biologiques supérieurs, liée à ses caractéristiques quasi linguistiques, ainsi qu'à l'attirail génétique de la formation des mots dans les langues naturelles humaines. Des confirmations ont été obtenues antérieurement sur le fait que le développement des langues et de la parole humaine se soumet aux lois de la génétique formelle³². En fait les « textes » ADN (quasi paroles) et les textes écrits humains, leur langage (les paroles véritables) remplissent les mêmes fonctions de gouvernance, de régulation, mais à des niveaux distincts d'interconnexion fractale. L'ADN fonctionne génétiquement au niveau des cellules et des tissus, alors que la parole humaine, en tant que structure macro-génétique, est employée au niveau du super organisme social. Nous avons réussi à nous écarter quelque peu de la métaphorique précédente qui utilisait des notions de linguistique appliquée à l'ADN, où l'on emploie arbitrairement les termes de « mots », « texte », « ponctuation », « grammaire », en essayant de comprendre intuitivement d'autres dimensions du génome. Cette prise de distance a été facilitée par l'usage de la théorie des fractales, et d'une méthode de transcodage appliquée aux séquences de l'ADN et à la structure des langues humaines. Il s'est avéré que l'ADN et la parole humaine (les textes) possèdent une structure fractale assez voisine, au sens géométrique. Il est probable que ceci est corrélé avec la structure fractale du champ acoustique et électromagnétique FPU, généré par l'appareil chromosomique des systèmes biologiques supérieurs. Il est possible que c'est grâce à cela qu'il nous a été possible d'enregistrer des effets de régulation sur des génomes de plantes, induits à l'aide de la parole humaine, transformée par FPU, qui interagissait avec l'ADN chromosomique, in vivo, par résonance [25, 29].

Ce résultat, auquel nous avons donné du sens du point de vue de la composante sémiotique et ondulatoire du code génétique, possède une valeur méthodologique significative, autant pour l'analyse des objets super signifiants comme les textes ADN, que pour le génome dans sa totalité. Des aires nouvelles, par principe, de signification de l'appareil chromosomique commencent à s'ouvrir. Cependant la biologie et la linguistique du gène auront à parcourir encore un long chemin avant que le tableau des séquences signifiantes de l'ADN ne devienne relativement clair et compréhensible. Le mode de pensée que nous introduisons, par rapport aux fonctions du génome, permet de comparer diverses séquences naturelles de l'ADN et de l'ARN et d'évaluer leur similitude ainsi que le degré relatif de leur structure sémiotique. En outre, ce qui est plus important, il apparaît une méthode de comparaison des structures de sens de la parole humaine et des séquences codantes de l'ADN. Si nous avons raison dans nos élaborations expérimentales et logiques alors il apparaît, dans le plan général, de nouvelles dimensions dans la compréhension de la pensée et de la conscience au travers de leurs expressions dans les suites sémantiques (de sens) sur divers niveaux d'organisation de la matière vivante : au niveau de la parole humaine (la plus haute forme de conscience) et la quasi parole des molécules génétiques (la quasi conscience du génome). Ceci correspond assez bien au modèle mathématico-

³² M.M. Makovsky : la génétique linguistique. Moscou. 1992.

Маковский М.М. . Лингвистическая генетика. М.,1992.

linguistique de Chomsky, qui postule les principes généraux, qui sont à la base de toute langue et qui fusionnent dans une « *grammaire universelle* »³³ D'après Chomsky, une telle « *grammaire universelle* » est {59} congénitale, c'est à dire qu'elle posséderait des déterminants génétiques. C'est là une circonstance particulièrement importante, car elle focalise encore une fois la pensée sur la parenté super génétique des structures sémiotiques de l'ADN et des formations de la parole humaine. Dans une certaine mesure, nous avons confirmé cette position, en montrant la parenté des fractales de l'ADN et de la parole humaine. Chomsky a probablement raison, quand il affirme que les structures syntaxiques profondes qui constituent la base du langage, sont transmises par hérédité, de générations en générations, garantissant à chaque individu la possibilité de maîtriser la langue de ancêtres. Le fait que l'enfant apprenne facilement toute langue, s'explique par le fait que les grammaires de toutes les langues coïncident. L'essence de la langue humaine est invariable pour tous les humains. On peut supposer que cette invariabilité se propage plus en profondeur, atteignant les structures macromoléculaires sémantiques (de paroles) des chromosomes. Il y a pour cela des confirmations précises théoriques et expérimentales que nous avons obtenus, [25, 29] qui nous amènent à des approches singulièrement signifiantes méthodologiques d'une intrusion douce de régulation dans des plans sémiotiques, jusque là inconnus, de l'appareil génétique des systèmes biologiques supérieurs. Mais cela contient aussi une menace grave d'aberrations sémiotiques ondulatoires de l'environnement du champ sémiotique terrestre. Les idées d'une génétique ondulatoire (et de la parole) sont dans une phase d'une concrétisation active, et c'est pourquoi il est indispensable de mettre en place un système d'interdictions strictes de certaines expériences dans ce domaine des connaissances, semblable à celui qui existe déjà pour l'ingénierie génétique, par exemple pour le clonage des organismes supérieurs.

Une confirmation indépendante de la justesse de l'hypothèse de l'existence d'un niveau quasi verbal, ou sémiotique des fonctions de codage de l'ADN (dans les limites du continuum chromosomique du système biologique) peut donner la clé vers la sortie du champ fonctionnel d'un code génétique à triplets, qui est parfois erroné et limité, qui n'explique pas ni la synthèse des « *textes* » protéiques, ni comment est encodé la structure spatiotemporelle de l'organisme. Le but final de la présente analyse c'est l'extraction des unités emblématiques de différents niveaux et la compréhension de leur sémantique dans l'espace fonctionnel ADN-protéine, qui, au moins pour les ferments, est particulièrement hétérogène (un centre actif, des sites de reconnaissance, l'architecture des forces hydrophobes et hydrophiles d'auto organisation des chaînes peptidiques). Le « *discours* » multilingue métabolique entre les bio polymères d'information de la cellule et leur fonctionnement en tant que résultat d'échange de signaux biologiques signifiants, supposent l'existence de deux niveaux mutuellement corrélés de cet échange : niveaux matériel et ondulatoire. Le niveau matériel est assez bien connu (la réplication matricielle ADN-ARN-protéine, l'interaction antigène-anticorps, l'auto assemblage des structures de la cellule) mais le niveau ondulatoire, qui lui est intimement lié, n'est pratiquement pas étudié par la science officielle. Et la situation n'est pas simple à ce niveau. Les rayonnements acoustiques et électromagnétiques des protéines, des acides nucléiques, des membranes et du cytosquelette sont bien connus. On pourrait imaginer que ce

³³ *Chomsky N.* Reflections on Language. N-Y., 1975.

niveau des contacts informationnels de l'espace cellulaire et tissulaire emmène les processus métaboliques dans une dimension de champs, avec ses spécificités et ses régulations « *linguistique* ».

Les flux d'information biologique que nous étudions sont enchainés avec le métabolisme et l'échange d'énergie, ils ne se limitent pas au partage des séquences signifiantes en matière et champ. Mais ils sont multipliés de nombreuses fois par la fractalité de ces séquences. Par exemple on constate dans la composante acoustique et électromagnétique des fonctions de signalisation de l'ADN, la fractalité du champ des solitons, qui est formellement décrit par les équations dans le cadre du phénomène de l'onde en retour FPU. {60} Cela complique encore un peu plus l'analyse sémantique des contacts protéiques, nucléiques et autres des systèmes biologiques. On peut supposer qu'il existe dans les cellules vivantes une hiérarchie des structures sémiotiques matérielles et ondulatoires. Où la fractalité de ces structures impose une gradation conventionnelle de type : « *lettre (phonème), morphème, mot, proposition...* » Et ce qui, à une certaine échelle, est une « *proposition* », serait à une échelle plus grande, simplement un « *mot* » etc.. Une autre complexité est liée avec la notion du « *cadre de lecture* ». Le décalage d'une seule lettre (ou bien son équivalent : un léger changement de phase, de polarisation, de la fréquence des champs physiques dans l'espace-temps des systèmes biologiques) pourrait intégralement changer le sens du texte lu (de l'image perçue), sans parler du fait que les textes eux-mêmes, par exemple dans les mêmes séquences d'ADN, pourraient être inscrits avec des langages distincts. En outre il n'y a pas d'interdiction à ce que la lecture des « *textes* » inscrits dans les cristaux liquides de l'ADN des chromosomes se fasse dans des espaces à 3 ou n dimensions, lorsque les « *lettres des mots* » ne se mettent pas seulement en une seule ligne et dans un espace unique, mais se lisent en long et en large, vers le haut et vers le bas etc.. Dans un tel processus il se crée et se détruit une suite infinie d'un continuum anisotrope de « *lignes de textes* », allant dans toutes les directions du continuum dynamique, interphase chromosomique de tout l'espace du système biologique. La logique proposée est inévitable, si nous souhaitons comprendre l'essence du phénomène de la vie. Il ne faut pas considérer ce qui vient d'être énoncé, comme le précurseur de la revue du seul modèle accepté du code génétique à triplets. Ce modèle est utile uniquement comme une position de départ lorsqu'est décodé (de façon imprécise et non exhaustive) le premier niveau des codons ARNm, le niveau des signaux génétiques matériels, matriciels, qui ne constituent que 1,5% de la masse de tout l'ADN. La partie principale, restante de l'ADN, existant dans la compréhension de la majorité des généticiens comme un « *déchet* », porte probablement en elle, l'information stratégique du système biologique sous forme de signaux ondulatoires de solitons, potentiels ou véritables, des structures holographiques ou bien autrement sémiotique, y compris celles semblable à la parole. (Voir ci-dessus, pour plus de détails le chapitre « *Revue du code génétique* »).

Il est probable qu'il y ait un phénomène d'un genre particulier, demandant une attention toute spéciale, et qui est en lien directe avec toutes les propriétés « *anormales* » du génome des systèmes biologiques supérieurs, considérées précédemment. C'est le problème de l'apparition de la vie, et en particulier sur Terre. Ce thème est étudié depuis bien longtemps. Les hypothèses sont nombreuses. Nous sommes les tenants de l'hypothèse de la panspermie, mais pas selon la variante qui dit que la terre aurait étéensemencée par des spores, ancêtres de toutes les formes de vie. Il est probable que le processus d'évolution naturelle du

« *bouillon primitif* » apparu de façon abiogénétique, constitué de molécules organiques, précurseurs d'ADN, d'ARN, de protéines et d'autres composants significatifs des systèmes biologiques, a été conjugué avec l'acte d'introduction d'une information exobiologique dans les premiers acides nucléiques. Cette information était un artefact et elle était une quasi parole. « *Au début était le Verbe..* ». Et ces paroles étaient fractales, commençant conventionnellement par les doublets et triplets de l'ADN-ARN. Aux premières étapes ce n'était qu'une langue primitive constituée à partir de l'alphabet de quatre lettres. Puis il s'est produit une traduction dans l'alphabet de 20 lettres des protéines, puis encore dans des langues de niveau supérieur, dans l'esprit des idées discutées précédemment. En général l'hypothèse de l'artefact de la langue primordiale de l'ADN est largement discutée, en commençant depuis l'œuvre de pionnier de V. I. Schtcherbak³⁴ qui a montré le côté artificiel (importé de l'extérieur) des symétries collectives du code génétique, dont la probabilité d'une origine évolutionniste est proche de zéro. On peut être solidaire d'une telle position non seulement {61} à cause de sa beauté et de l'élégance du procédé de cette démonstration (où l'on emploie en guise d'unités de repérage les liens nucléoniques dans les acides aminés et la dégénération du code génétique) mais aussi parce qu'elle correspond assez bien à notre façon de penser. Cependant nous introduisons une rectification: Comme le code génétique, c'est à dire le code de synthèse des protéines, diffère sensiblement de celui adopté dans les années 60 du XX siècle, (voir ci-dessus), alors la notion d'artefact mérite également quelques précisions. On peut prédire que dans le code véritable (code fractal et hétéro-multiplétique) il y a la présence d'autres formations sémiotiques mathématiques, grossies fractalement, en comparaison de celle qu'avait découvert V.I. Schtcherbak.

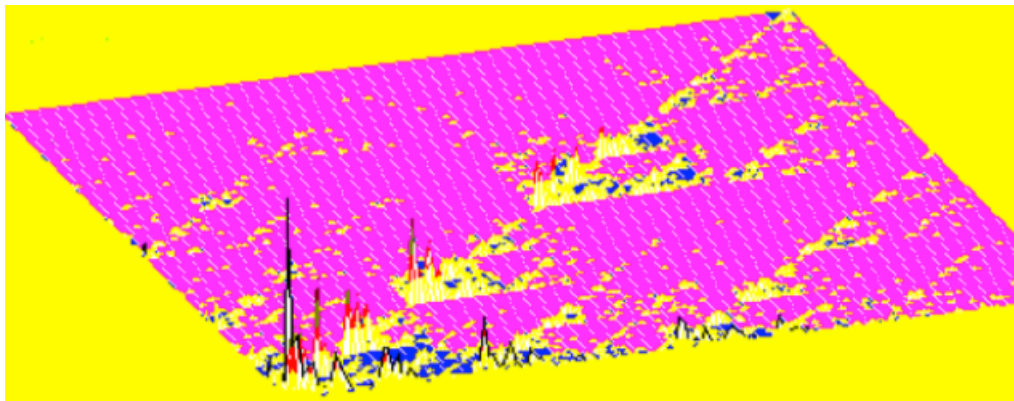
En développant cette pensée et les idées que nous avons avancées précédemment, disons que ce serait une simplification. Ce serait naïf de considérer les « *langues* » et « *l'écriture* » ADN comme un pur analogue des constructions verbales de l'être humain. Il serait plus sur de supposer que les fonctions de l'ADN sont fondées avant tout sur son métalangage, qui serait la grammaire du génome. Ici l'analyse des métalangages de A. Solomonik est particulièrement précieuse. Les mathématiques sont également un métalangage, mais c'est aussi le recueil des règles de construction de ses propres textes. Contrairement de la parole habituelle dans laquelle une phrase avec une pensée déterminée peut être construite de mille façons différentes, en mathématique, les suites verbales (sémiotiques) sont générés à l'aide d'un petit nombre de règles rigides. Et ces règles permettent, dans un régime automatique, d'obtenir un résultat prévisionnel, comme dans notre exemple du modèle d'antenne, qui « *anticipe* » le caractère des interactions des champs physiques avec les macromolécules biologiques d'information. On peut voir dans cet exemple, au point final des conversions mathématiques du métalangage (orienté grammaticalement), l'obtention d'un résultat sous forme d'une représentation physico-mathématique du comportement potentiel des composants fondamentaux du système biologique, dans son environnement de champ, et sa plénitude de processus ondulatoires. Il se pourrait que les chromosomes opèrent également à l'aide des métalangages pour obtenir un modèle (physique, chimique, mathématique) « *idéal* » du système biologique, en tant qu'une préfiguration inaccessible de

³⁴ Scherbak V. I. // J. Theor. Biol. 1988.V.132.P.121 –124.

l'organisme réel. Et un tel model sera plus informatif, par exemple, que le modèle holographique et il va compléter ce dernier.

Si les chromosomes (l'ADN) des organismes terrestres sont réellement simultanément les donneurs et les accepteurs, non seulement de leurs propres commandes ondulatoires, mais aussi de certaines influences externes de régulation (possibles exobiologiques), ce que nous avons démontré précédemment, alors le nouveau canal, électromagnétique, sémiotique, artificiel, créé par l'homme, de pénétration dans la noosphère et l'héritage génétique de la planète Terre exige une attention extrême dans le plan du niveau d'intelligence et d'opportunité de nos manipulations supergénétiques, en fait non contrôlées. Dans ce cas nous allons entrer en concurrence avec la probable régulation exobiologique. Cela est-il utile et est-ce indispensable? Il n'y a pas de réponse claire aujourd'hui. Il est possible que nous ayons pris une des voies possibles, à la bifurcation, du choix de l'évolution de l'Humanité : faut-il continuer sur la voie artificielle ou bien apprendre de la sagesse à partir de notre propre corps, là où se concentre la sagesse du Créateur.

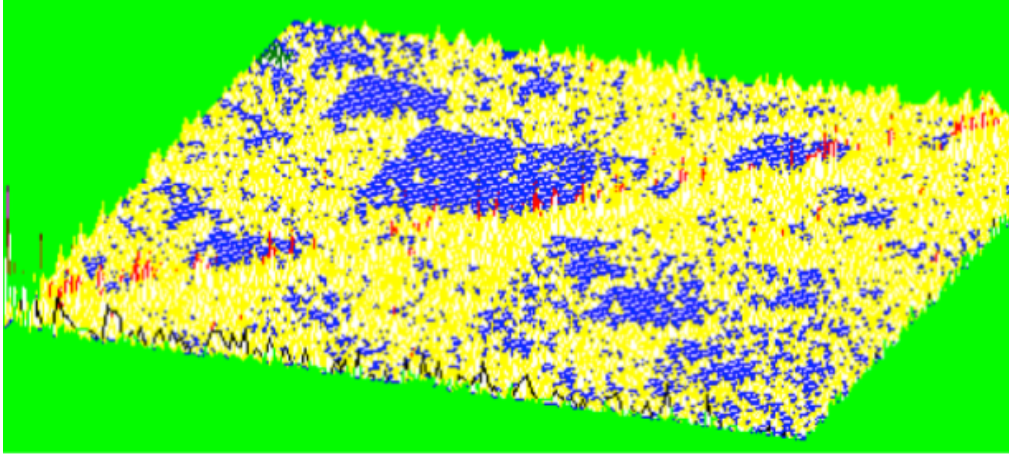
En guise d'illustration de la méthode que nous proposons, de représentation fractale des textes naturels et génétiques, nous exposons les matrices de densité pour du texte en anglais (Manuel de programmation), et le « *texte* » du gène Caséine. {62} Cette méthode donne une possibilité différente, par principe, d'une comparaison quantitative et qualitative des textes naturels et génétiques. Un résultat analogue peut être obtenu autrement, ainsi que par une méthode nouvelle, comme cela est présenté sur les tracés d'histogrammes d'analogie et de différence pour les flancs et les introns d'un grand groupe de gènes. De cette même façon est obtenu l'histogramme de comparaison des textes naturels pour la monographie de l'auteur de « *Génome ondulatoire* » et les récits de F. Abramov [Résultats non édités de recherches communes avec M. Y. Maslow (Institut Mathématique de l'Académie des Sciences de Russie)].



Matrice de densité d'une représentation simulée chaotique d'une séquence de nucléotides (gène) dans l'alphabet (A, T, G, C), codant la structure primaire de la caséine (protéine du lait)

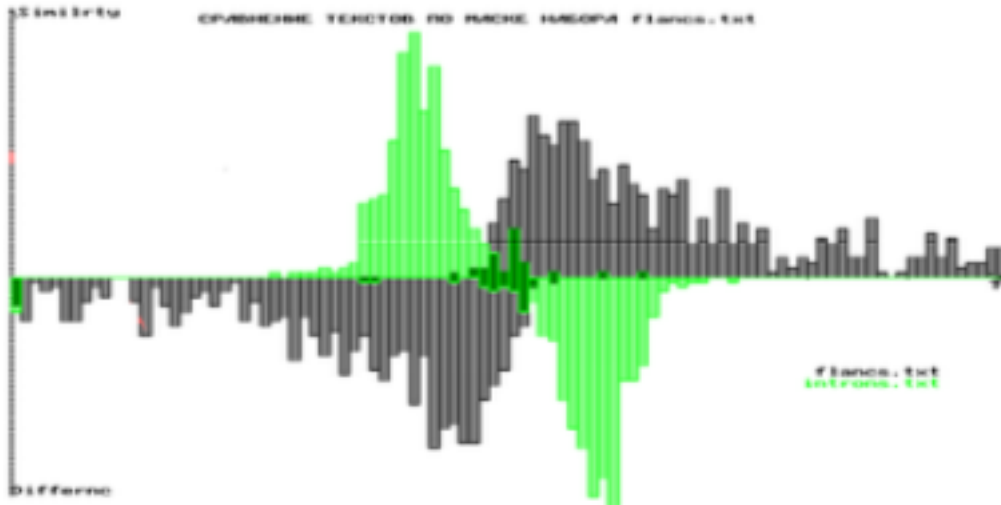
Figure 11

{63}



Matrice de densité d'une représentation simulée chaotique d'une séquence en langue anglaise (manuel de programmation des ordinateurs) : On y étudie l'apparition de quatre mots courants : Le coin gauche le plus proche correspond au mot « the » : Le coin droit le plus proche correspond à « in » : Le coin gauche le plus éloigné, à « on » : le coin droit le plus éloigné, à « of ».

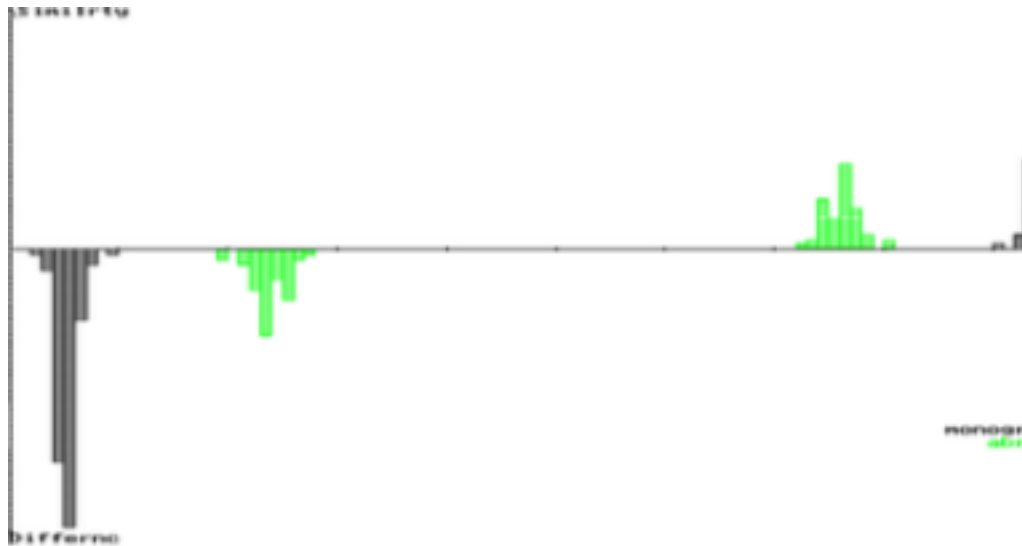
Figure 12



Comparaison des flancs et des introns :

Figure 13

{64}



Comparaison des monographies : P. P. Gariaev. Le génome ondulatoire. Moscou 1994.

Et F. Abramov : Ils ont existé de ne pas exister. Récits. (*Были небыли. Рассказы*) Moscou 1993.

Figure 14

De la faisabilité du bio ordinateur, basé sur des structures génétiques

Dans l'hebdomadaire « **Computer World** » (N° 5 du 3 octobre 1995), à la rubrique « *Précisions* » il a été présenté un ensemble d'articles consacrés aux travaux portant sur la création d'un ordinateur biologique, basé sur la principale molécule génétique : l'ADN. Dans son article « *L'électronique des marécages..* » Thomas Hoffman décrit les premières tentatives timides d'utilisation des molécules biologiques d'information, de certaines protéines (rhodopsine bactérienne, rhodopsine) en guise de substrat de lecture-écriture d'information, semblable à une mémoire sur disque optique. Incontestablement c'est là une direction intéressante et originale, mais dans ce cas il n'y a rien de nouveau qui soit proposé dans son principe, car il est indifférent d'où provient la matière du substrat d'écriture-lecture de l'information, sur lequel on forme des marques thermiques de type binaire, ou bien à l'aide de laser, on y dessine des représentations 3D d'objets en forme d'hologramme. Ce matériau peut être d'une origine non biologique ou bien, comme dans ce cas des rhodopsines, être extrait des membranes biologiques des bactéries des lacs salés. À ce propos, et compte tenu de nos recherches, il aurait été logique de considérer les molécules d'ADN comme une unité indissociable de la Matière et du Champ, aussi bien dans l'aspect de leur participation en tant que figure essentielle dans les ordinateurs biologiques. Cela serait utile pour le développement de la technique de calcul, et pourrait apporter un changement complet dans sa base d'éléments de la suite des calculateurs : analogiques, numériques et enfin « *sémiotique* ».

Au printemps 1995, Leonard M. Adleman, professeur de techniques de calcul de l'Université de Californie du Sud, a décrit dans le journal « **Science** » un algorithme utilisant l'ADN pour résoudre l'une des versions du « *problème du commis* »

voyageur ». Il n'a fallu qu'une semaine pour obtenir la réponse, alors que les ordinateurs traditionnels auraient eu besoin de plusieurs années pour cela. On a utilisé un phénomène particulier, propre à l'ADN, qui est sa capacité de reconnaissance complémentaire. Ce phénomène consiste dans le fait que tout fragment des deux spirales d'ADN {65} est capable de retrouver dans la solution (ou dans le contenu des chromosomes d'une cellule vivante) uniquement sa propre copie énantiomorphe (image miroir), et de reconstituer une double spirale normale. L'efficacité et la vitesse de recherche par les demi-ADN de leur moitié manquante ont assuré la grande vitesse du tri des variantes dans le cadre du « *problème du commis-voyageur* ». La cause de cette capacité de reconnaissance rapide et précise des demi-ADN était inconnue encore récemment. Or ceci est extrêmement nécessaire pour la création d'un ordinateur ADN réel, mais nous en parlerons plus loin.

La voie qu'a choisi Adleman n'est pas fautive, mais elle ressemble à la tentative de comprendre, par exemple, quel est le mode de pensée de Jacques, Pierre et Paul sur la base de nos connaissances de leur goût pour la bonne chaire. Une utilisation convenable et efficace de l'ADN comme élément fondamental d'information du futur ordinateur biologique, est inconcevable sans la compréhension des véritables fonctions des molécules génétiques dans les systèmes biologiques. Comme l'évoquent les précédents chapitres, l'appareil chromosomique, en tant que système qui enregistre, mémorise, modifie et transmet l'information, peut être considéré simultanément dans les plans de la matière et des champs physiques qui sont suffisamment bien étudiés, porteurs de l'information génétique et de régulation générale, et que manipule le continuum des molécules génétiques (ADN, ARN). Ce continuum constitue la composante fondamentale de la totalité des chromosomes, qui est en fait un ordinateur biologique. Les niveaux de matière et de champ sur lesquels fonctionne l'ordinateur biologique chromosomique, sont inséparables et se complètent fonctionnellement l'un l'autre. Ici se réalisent des formes de mémoire, jusque là inconnues (de solitons, holographique, de fantôme), ce faisant les molécules ADN peuvent fonctionner comme des lasers biologiques et en même temps comme milieu d'inscription du signal laser. Nous avons découvert en outre que l'ADN est capable de rayonner un champ électromagnétique à large bande de très faible puissance, que nous avons réussi à amplifier d'un facteur mille. En fait ici l'ADN n'est qu'un cas particulier, car ce phénomène est le propre de toute matière [42], mais les chromosomes utilisent ce phénomène de façon hautement efficace, comme l'un des canaux ondulatoires de communication d'information et/ou énergétique. Les molécules d'ADN en tant que continuum de tout système biologique, sont capables de former des préfigurations des structures biologiques et de l'organisme entier, en tant que « *copies ondulatoires* » ou de « *matrices* » et comparer l'organisme construit avec ces copies en tant que répertoires. Dans ce plan le mécanisme d'une reconnaissance réciproque, rapide et précise, des demi chaînes d'ADN, mécanisme utilisé par Adleman pour résoudre son problème, n'est que l'un des moyens d'auto organisation des systèmes biologiques. Cette reconnaissance mutuelle se produit en particulier, parce que dans les molécules d'ADN naissent des ondes acoustiques et électromagnétiques particulières, hyper stables, les solitons, dont certaines formes particulières peuvent être interprétées dans le cadre de la découverte de 1949, par Fermi, Pasta et Ulam (FPU). De tels solitons de l'ADN possèdent deux types intriqués de mémoires : leur mémoire propre spécifique de l'effet FPU, c'est à dire la capacité de retenir les modes d'excitation initiaux et y « *revenir* » périodiquement. L'autre mémoire du continuum ADN, dans le

système biologique est quasi holographique ou fractale. Elle est liée à la propriété fondamentale des systèmes biologiques de savoir restituer l'ensemble à partir d'une de ses parties. Cette propriété est fondamentale et assez bien connue (marcottage de certaines plantes, régénération de la queue du lézard, régénération d'un organisme entier à partir d'un ovocyte). La forme la plus élevée d'une telle mémoire c'est la mémoire associative du cortex cérébral, c'est à dire des neurones. Ça n'a pas de sens de discuter d'un ordinateur biologique {66} même si on a résolu le « *problème du commis-voyageur* », si on ne tient pas compte de la nouvelle logique de la compréhension des fonctions biologiques codantes, sémiotiques de l'ADN. L'autre face de l'affaire consiste en la corrélation de cette logique avec les innombrables recherches sur les ordinateurs biologiques, et les tentatives d'éclaircir la « *capacité de calcul* » du cerveau, sans comprendre les fonctions codantes de l'impulsion nerveuse.

On considère habituellement que l'impulsion nerveuse est simple, qu'elle ne consiste qu'en une onde de dépolarisation et c'est pourquoi le codage de l'information ne se passe qu'à l'aide d'un mécanisme de fréquence. Cependant les calculs montrent que les modulations de fréquence sont insuffisantes pour réaliser un codage. A. A. Berezine a procédé à une importante étude qui a conclu que les impulsions nerveuses, ce sont toujours ces mêmes solitons dans le cadre du phénomène FPU, et surtout ces solitons, qui par leur structure, affichent des « *textes* » ARN, et en conséquence de l'ADN également³⁵. Pour développer cette idée, nous avons émis la suggestion de l'existence d'un lien sémantique entre les solitons, au niveau des chromosomes et les solitons des impulsions nerveuses. Cela témoigne dans le sens du lien entre conscience et de son expression dans des mots, avec la figure fondamentale d'information des systèmes biologiques, les molécules d'ADN et leurs nouveaux types de mémoire, jusque là inconnus. Les solitons de l'ADN sont capables, après « *lecture des textes génétiques* », de quitter les limites de l'ADN sous forme de champs électromagnétiques particuliers, afin d'aller reconnaître les intervalles utiles d'autres molécules ADN, et de former de nouveaux « *textes* » cohérents, indispensables à cet instant, pour la réalisation des fonctions biologiques, y compris par le moyen d'une transmission d'une information dans une impulsion nerveuse. Pour ce qui est du terme « *textes ADN* » qui était utilisé précédemment par facilité, et qui était emprunté chez les linguistes anglais dans un but métaphorique, il s'avère que cette structure textuelle ADN est véritablement apparentée à la parole humaine. Nos études mathématiques et linguistiques [14,25, voir également les chapitres précédents] ont montré que le paramètre clé qu'est la fractalité, est commun à l'ADN et à la parole humaine. Cela est corrélé avec d'autres travaux antérieurs dans ce domaine³⁶.

³⁵ A.A. Berezine : Modèle mathématique du neurone fondé sur l'effet FPU. Journal de la technologie de l'information. Moscou 1997

Березин А.А. Физико-математическая модель нейрона на основе явления возврата Ферми-Паста-Улама для разработки принципиально новых элементов памяти большей емкости. //Журнал "Информационные технологии". М.,1997.

³⁶ Par exemple N. Chomsky les grammaires universelles, ou la monographie. de Makovsky. Moscou 1992

м.,напр., работы *Хомского Н.* по универсальным грамматикам или моногр. *Маковско-го М.М* "Лингвистическая генетика". М.,1992.

En utilisant ces travaux théoriques et nos données propres de physico-chimie de l'ADN, nous avons réussi de démontrer expérimentalement la possibilité d'une convolution de l'information génétique sous forme de paquets ondulatoires de solitons, décrits par le formalisme mathématique FPU. De tels paquets ondulatoires, avec une information biologique introduite artificiellement, produits par des équipements adéquats de génération FPU, sont capables d'entrer en contact informationnel, par résonance, avec l'appareil génétique d'animaux, de plantes et probablement aussi de l'homme, avec comme conséquence un changement subit et orienté de leur métabolisme. Il s'est avéré que le matériau d'hérédité qu'est l'ADN, est un générateur de champs acoustiques et électromagnétiques de solitons. C'est précisément pour cela que les générateurs FPU sont capables d'introduire l'information dans les chromosomes par des mécanismes électromagnétiques de résonance. L'efficacité des générateurs augmente de plusieurs ordres de grandeur si l'on utilise pratiquement le phénomène de la propriété commune fractale entre les structures textuelles ADN et la parole humaine. La grammaire des textes génétique est probablement un cas particulier des grammaires universelles de toutes les langues humaines. C'est pourquoi se réalisent des résonances physico-sémantiques des solitons de l'ADN et des champs artificiels de solitons FPU, comme un analogue des champs naturels FPU des chromosomes. {67}

En introduisant certains ordres oraux à travers le générateur FPU, dans l'appareil génétique de graines de plantes, malmené par des radiations, il a été possible de notablement réduire le nombre d'aberrations chromosomiques, c'est à dire de pratiquement bloquer l'effet dévastateur des rayons X. Il s'est avéré en outre possible de créer une protection préventive des plantes contre un rayonnement X dur à l'aide de commandes ondulatoires adéquates. Des expériences de contrôle à l'aide de constructions verbales aléatoires (des commandes) introduites par le générateur FPU dans le système biologique ont montré que de telles commandes n'ont aucun effet sur l'intégrité des chromosomes.

Ces effets ont été prédits et ils ont été vérifiés sur la base de modèles mathématiques sur ordinateur, qui imitent la « lecture » par les solitons de l'ADN, de « textes » génétiques et la retransmission de ces « textes » vers d'autres cellules et tissus.

D'autres modèles physico-mathématiques de notre répertoire, et les expériences fondent ce qu'on appelle « l'effet d'antenne » qui se manifeste lors de la stimulation électromagnétique de certains modes collectifs de macromolécules d'ADN. Ceci est directement lié aux expériences de ce qu'on appelle le pompage à double photon des structures génétiques et du rayonnement subséquent produit par l'ADN [18], et qui se coordonne avec nos résultats d'action réciproque des gels d'ADN avec l'insolation à impulsion d'un laser à infrarouge [25].

Revenons à l'ordinateur à ADN. Il est clair que pour sa mise au point il ne faudrait pas se contenter uniquement, et même pas tellement des résultats de l'expérience d'Adleman. L'ADN, pour réaliser ses possibilités, doit se trouver dans son milieu naturel dans une solution d'eau, ou dans un état de cristal liquide. Mais cela n'est que le début. D'autres possibilités de l'ADN ou des chromosomes peuvent être exprimés dans des conditions proches de celles présentes dans une cellule vivante. À la limite, un ordinateur ADN c'est une cellule vivante. Autrement dit il faut créer un organisme artificiel, mais cela ne se produira pas de si tôt. À présent nous

ne pouvons faire que des approches de l'état de l'ADN en cage, mais c'est déjà beaucoup. On pourrait énumérer ce qui est réalisable dès maintenant. Il faut avant tout commencer par une utilisation pratique des nouveaux types de mémoire des structures génétiques, et pour cela tenter, de construire des cellules de mémoire, fonctionnant sur le phénomène des résonances FPU, et sur la capacité d'enregistrement d'hologrammes. Une telle mémoire va dépasser de plusieurs ordres de grandeur la capacité et la vitesse d'accès des mémoires magnétiques, des disques optiques et des mémoires holographiques actuelles. La seconde possibilité de principe est liée à ces types de mémoire, mais elle s'amplifie de plusieurs ordres de grandeur par la propriété des chromosomes d'être un milieu laser actif. Les préparations de chromosomes apparaissent autant comme des cellules mémoire que comme des lasers lisant leurs mémoires propres (ou induites) holographiques ou FPU. Et enfin la dernière des utilisations accessibles aujourd'hui c'est l'utilisation des caractéristiques quasi linguistiques de l'ADN. Il est possible de créer des lasers ADN qui vont rayonner et « *sonoriser* » des textes génétiques naturels autant que des séries sémiotiques artificielles, synthétisées, de poly nucléides qui imitent les programmes génétiques naturels. Mais c'est là une voie très dangereuse et il devient indispensable d'instaurer un système d'interdits pour les gènes ondulatoires artificiels. Un tel mode de travail, à l'aide d'ordinateurs biologiques signifie l'accès à de aires sémiotiques nouvelles du génome humain et de toute la biosphère, des aires que la Nature (ou D.ieu) a utilisé pour la création de l'être humain. C'est une pensée parfaitement réaliste, si on tient compte des travaux théoriques sur la symétrie collective du code génétique qu'a conduit l'école de Eigen de l'Institut Max Planck. {68} Leurs recherches montrent que l'information clé inscrite et inscriptible comme de la quasi parole dans les chromosomes de tous les organismes de notre planète, possède un caractère artificiel. Nos données concernant le fait que le continuum chromosomique et l'ADN de tout système biologique constituent une espèce d'antenne externe pour la réception d'une information complémentaire (peut-être exobiologique) viennent confirmer les affirmations précédentes. On peut penser que le génome des organismes terrestres, tout au moins partiellement, constitue un polygone pour des influences sémiotiques exobiologiques. Il est significatif que nous ayons dans ce plan trouvé les approches primaires d'accès dans cette aire semiotico-sémantique.

Il est possible de prédire, en nous fondant sur ce qui a été dit, que les perspectives suivantes s'ouvrent pour des manipulations sémiotiques sur des structures génétiques, substrat fondamental des ordinateurs biologiques :

1-La création d'une mémoire artificielle à partir de molécules génétiques, qui possèdera des capacités de stockage et une vitesse d'accès fantastiques.

2-La création d'un ordinateur biologique ADN, fondé sur des principes entièrement nouveaux, et comparable au cerveau humain pour ses procédés de traitement de l'information et ses capacités fonctionnelles.

3-La réalisation d'une régulation à distance des processus informationnels vitaux dans les systèmes biologiques, à l'aide des ordinateurs biologiques (traitement des cancers, du SIDA, des malformations congénitales, la régulation des processus sociogénétiques, et finalement la modification du temps de vie).

4-Une défense active contre les influences destructives ondulatoires au travers du canal d'information et énergétique ainsi mis à jour.

5-L'établissement de contacts exobiologiques.

En faisant le bilan, que reste-t-il de la logique des expériences sur l'ADN, que proposent Adleman et d'autres chercheurs, dans le domaine de l'électronique

moléculaire des macromolécules biologiques d'information ? Cette logique est vulnérable car elle se fonde sur des représentations simplifiées du fonctionnement des chromosomes, vu comme un substrat purement matériel. Les fonctions ondulatoires des structures biologiques ne sont pas prises en compte. C'est une impasse qui se traduit par un volume colossal, toujours croissant de financement des technologies biologiques, et par des neuro-ordinateurs avec toujours moins d'applications pratiques. Les mêmes vices attendent l'électronique moléculaire dans ses tentatives d'utilisation d'une pensée unidimensionnelle pour l'ADN, dans la conception de l'ordinateur biologique.

Un tel ordinateur doit imiter les fonctions du génome dans la partie opérationnelle de l'information ondulatoire, c'est à dire de créer des images, y compris des quasis paroles, être capable de les reconnaître, savoir les manipuler comme des commandes. De telles structures sémiotiques vont avoir une capacité d'action biologique considérable. Dès maintenant le laser à ADN, s'il est « chargé » de certains textes, par exemple celui du génome de l'allongement de la vie, devrait pouvoir prolonger celle-ci chez l'homme de 300 à 400 ans. Il est indispensable de redistribuer le financement en génétique, en embryologie, en génie génétique ainsi qu'en électronique moléculaire. Cela permettra de faire une percée dans l'élaboration de l'ordinateur biologique avec une mémoire quasi génétique, dont la capacité dépassera tout ce qui est imaginable, et qui sera capable de conduire des processus hypercomplexes, comparables à ceux du métabolisme et de la pensée. De tels calculateurs biologiques seront capables de contrôler et maintenir une activité normale de l'être humain dans des échelles de temps comparables à l'immortalité. {69}

Le phénomène de transformation de la lumière en ondes radio, applicable dans les systèmes et les calculateurs biologiques [42]

Nous avons découvert le phénomène de conversion de la lumière cohérent rouge en des ondes électromagnétiques, lors de l'interaction du faisceau laser avec la matière. Voyons comment se forme ce rayonnement, amplifié de plusieurs ordres de grandeur, des structures génétiques in-vitro, qui se forment au delà du résonateur laser, dont la pièce maîtresse peut être constituée par des champs électroacoustiques, que nous avons découvert précédemment, particulièrement comme des structures ondulatoires de l'ADN, des ribosomes, du collagène et des chromosomes [25].

Afin d'obtenir une onde stationnaire et une onde mobile dans le faisceau laser qui sonde les structures génétiques, nous avons utilisé dans nos expériences un laser Hélium-Néon spécialement conçu pour cela, avec une puissance de 2mW, d'une longueur d'onde de 632,8 nm, à fréquence unique, avec un résonateur stable, régulé à l'aide d'un dispositif thermostaté. Le schéma de l'expérience est représenté par la figure 15.

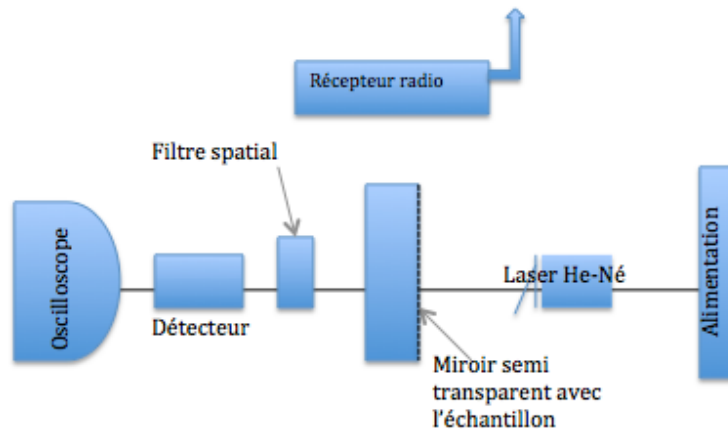


Figure 15

C'est le schéma d'un interféromètre à trois miroirs, qui a la particularité d'avoir le miroir extérieur du résonateur, semi-transparent ou complètement transparent. Il est également possible de le convertir en des structures composées de type sandwich, entre les couches duquel on peut introduire la préparation à l'étude.

Il y a dans ce schéma deux canaux d'information. L'un, traditionnel, est optique, et l'autre est un capteur d'ondes radioélectriques. Pour comprendre le fonctionnement du second canal, considérons d'abord le canal optique : Le miroir externe du résonateur s'ajuste de manière à ce que la partie réfléchie du rayon optique de ce miroir, atteigne exactement le résonateur. De cette façon le rayon direct du laser, et le rayon réfléchi du miroir s'ajoutent et l'onde résultante de la sommation des signaux, qui a traversé le miroir semi transparent, va être analysée par le filtre spatial et atteindra le cristal du photo détecteur. Le filtre spatial, constitué d'un diaphragme à points, est étroitement lié au photo détecteur, dont le signal électrique est visible sur l'oscilloscope: Selon le chatoiement qui arrive sur le champ ponctué du filtre, on observe des signaux distincts sur l'oscilloscope, {70} et qui sont dus à l'amplification de résonance des rayonnements radio, qui se forment au delà des limites du résonateur du laser.

Nous avons enregistré les ondes radio à l'aide d'une « écoute » de l'espace adjacent (dans un rayon de 4m) autour des préparations chromosomiques, traitées d'une certaine façon (des spermatozoïdes de souris) et de l'ADN d'un pancréas de taureau. Les préparations concentrées (environ 1mg/ml dans de l'eau distillée, et aussi une certaine concentration d'éthanol, de l'eau, du tryptophane et du triphosphate de guanosine) étaient étalées en couches fines sur la face du miroir semi transparent, (verre objet) que nous recouvrons d'un autre verre objet. Nous les conservons 48h, jusqu'à dessiccation complète à 4°C. Puis nous envoyons le rayon réfléchi, à nouveau, vers le résonateur du laser Dans une autre version nous utilisons un film mince réfléchissant d'ADN sans l'appuyer sur le miroir semi transparent. Voici le schéma, figure 16, de l'expérience avec l'incidence d'ultrasons sur l'ADN.

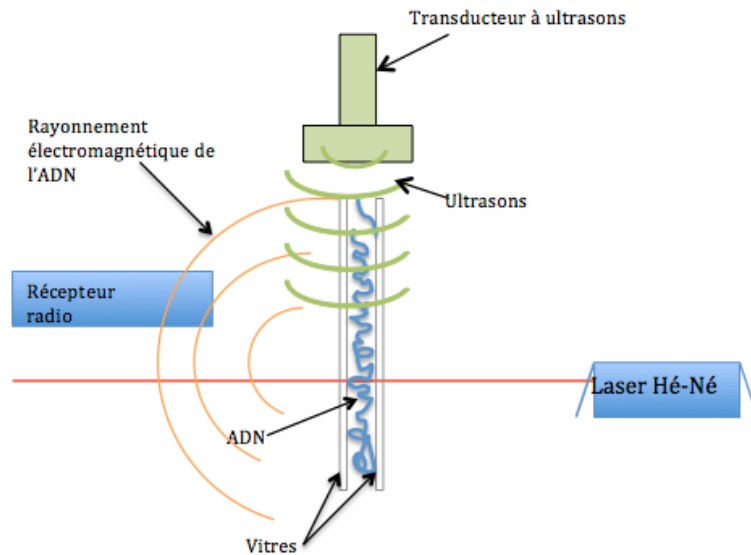


Figure 16

Quelles que soient les préparations de l'ADN, nous avons enregistré des signaux radio très distincts, différents entre eux, selon le type des échantillons étudiés, ou de leur combinaisons. Le sondage laser de l'ADN et des chromosomes ou de leur complexification avec les ingrédients énumérés ci-dessus, était accompagné de signaux radio (bruit électromagnétique) nettement différent de celui produit par des préparations non biologiques. Ce qui était caractéristique, et entièrement conforme avec [25], c'est la présence d'une alternance de signaux radio isolés, périodiques (ou presque périodiques) alternant avec des signaux stochastiques, semblables à ceux de [25] concernant l'interaction de la lumière infrarouge du laser (890 nm) sur l'ADN. Nous imaginons que c'est là encore une démonstration de la haute auto organisation (formation de solitons) de l'ADN dans le cadre du phénomène d'onde en retour de FPU. Cette auto organisation qui est le propre des structures génétiques, est l'une des expressions fondamentales de la mémoire de l'hérédité. Autrement dit, nous avons confirmé, dans une certaine façon, l'existence de la « *mémoire ADN à solitons* » de [25], pour certains modes d'excitation de la préparation, par exemple pour des vibrations mécaniques. Il est caractéristique que les modulations spécifiques du bruit radio correspondent parfaitement [71] avec le changement dans le temps des images-chatoiements bidimensionnelles, de la lumière diffusée par la préparation d'ADN. Cet effet s'arrêtait entièrement lorsqu'on envoyait des ultrasons sur la préparation (25kHz, 6,6 W/cm²) pendant 10 à 15s, à une distance de 1 à 2 cm. Après cela le bruit radio devenait monotone et ne se distinguait plus du bruit de fond.

Nous pouvons émettre une hypothèse de travail à propos de ce qui se passe lorsqu'il se produit une interaction d'ultrason avec des structures génétiques:

- a) il se produit des déchirures d'ADN.
- b) Certains modes, (ou les harmoniques) « *s'inscrivent* » au niveau de l'acoustique de l'ADN, dans le cadre du phénomène de solitons de l'onde en

retour FPU, et se manifestent à nouveau, périodiquement, exprimée par les structures génétiques, en brouillant l'acoustique emblématique de l'ADN, (y compris l'acoustique onco-emblématique).

c) Les deux processus cités se produisent.

Lors des opérations chirurgicales de tumeurs malignes sur des organismes vivants, à l'aide du scalpel à ultrasons, élaboré par V. I. Lochtchilov, cela induit un « effacement » de l'information génétique corrompue que fournissent les oncogènes. Cela provoque la suppression des métastases.

Ceci sert de base pour l'élaboration de nouvelles méthodologies de « chirurgie ondulatoire », pour les malades du cancer, et par extension, à une « médecine ondulatoire ».

Essayons de donner un premier modèle physique du phénomène, lorsque la lumière du laser (en interaction avec les matériaux à l'étude) engendre des ondes électromagnétiques. Dans le cas général on peut représenter tout système rayonnant comme un oscillateur potentiel harmonique, se trouvant à l'état initial dans un état d'équilibre stable. Dans notre cas, lorsque le miroir externe du résonateur est immobile, le système se trouve dans un état d'équilibre stable et n'émet pas de ondes radio. Ce faisant, ($X=a$), pour un potentiel V minimal. Si on écarte le miroir à une certaine distance de sa position d'équilibre ($x-a$), le potentiel en ce point peut être décomposé en une suite ordonnée sur des puissance

décroissantes ($x-a$), et comme en ce point la dérivée partielle $\frac{\partial V}{\partial x} = 0$, alors nous aurons la valeur du potentiel de l'oscillateur harmonique égale à

$$V = k/2 (x-a)^2$$

Notons l'équation ondulatoire pour l'oscillateur harmonique sous la forme suivante :

$$-\hbar^2 / 2m \cdot \psi'' + (mw^2 x^2 / 2 - E)\psi = 0, \quad (1)$$

où l'on a :

\hbar la constante de Planck,

k la constante quasi élastique, $k = m w^2$, où w est la fréquence d'oscillation angulaire.

$V = m \cdot w^2 \cdot x^2 / 2$, est le potentiel.

Si $x = \sqrt{\frac{\hbar}{mw}} y, E = \frac{w\hbar}{2} \cdot \epsilon$

alors l'équation (1) prend la forme:

$$\frac{\partial^2 \psi}{\partial y^2} + (\varepsilon - y^2)\psi = 0. \quad \{72\}$$

On sait que l'énergie d'un oscillateur harmonique est toujours positive, et pour une valeur moyenne de l'énergie E , nous aurons :

$$\bar{E} = \int \psi^* H \psi dx = \int \frac{\hbar^2}{2m} \psi^* \frac{d^2 \psi}{dx^2} dx + \int \psi^* \frac{m\omega^2 x^2}{2} \psi dx,$$

$$E = (2n + 1) \frac{\hbar\omega}{2} = (n + 1/2)\hbar\omega,$$

où les valeurs propres de E seront:

et ils sont égaux aux valeurs propres de l'oscillateur harmonique, avec une précision d'une demi quantification d'énergie. Dans notre cas il y a une superposition de deux ondes monochromatiques harmoniques (y_1 et y_2) provenant d'oscillateurs ponctuels, l'un d'eux étant le laser, l'autre étant le miroir extérieur du résonnateur. Dans un souci de simplification du modèle physico-mathématique, supposons que la polarisation de ces ondes soit identique, et qu'elle corresponde, pour son orientation, aux vecteurs magnétique \mathbf{H} et électrique \mathbf{E} de Umov-Poïting. Les oscillations résultantes dans une telle superposition (y_1 et y_2) d'ondes vont donner :

$$y = y_1 + y_2 = A_1 \sin(\omega t - \varphi_1) + A_2 \sin(\omega t - \varphi_2),$$

où A_1 et A_2 sont les amplitudes des ondes, φ_1 et φ_2 les phases, ω la fréquence angulaire, t le temps.

Pour des ondes se propageant dans une seule direction, l'oscillation

résultante peut être représentée ainsi : $y = a \sin \omega t - b \cos \omega t$, où

$$\begin{aligned} \varphi_1 &= k(x - x_1); \varphi_2 = k(x - x_2) \\ a &= A_1 \cos \varphi_1 + A_2 \cos \varphi_2; b = A_1 \sin \varphi_1 + A_2 \sin \varphi_2. \end{aligned} \quad (2)$$

Si $a = A \cos \varphi; b = A \sin \varphi$, alors $y = A \sin(\omega t - \varphi)$.

L'équation (2) va nous donner une nouvelle onde harmonique dont la phase et

l'amplitude auront la forme suivante: $A^2 = A_1^2 + A_2^2 + 2A_1 A_2 \cos(\varphi_2 - \varphi_1)$,

$$\operatorname{tg} \varphi = \frac{A_1 \sin \varphi_1 + A_2 \sin \varphi_2}{A_1 \cos \varphi_1 + A_2 \cos \varphi_2} \quad (3)$$

L'angle $(\varphi_2 - \varphi_1)$ dans l'expression de l'onde résultante sera égal à:
 $(\varphi_2 - \varphi_1) = k(x - x_1) - k(x - x_2) = k(x_2 - x_1)$.

Ainsi, en ayant obtenu la sommation des ondes à l'aide du troisième miroir du résonateur, qui renvoie le rayon exactement dans le résonateur du laser, nous avons obtenu une nouvelle onde harmonique.

La dernière expression montre que l'amplitude ne dépend pas de la position du point où nous analysons l'oscillation résultante. Tous les points oscillent avec la même amplitude, qui ne dépend que de la différence de distance entre les points où les phases des ondes cumulées sont à zéro. L'amplitude sera maximale lorsque la différence de phases $\varphi_2 - \varphi_1 = n2\pi$, n étant un entier. Dès lors la distance entre le miroir externe et le résonateur sera $x_2 - x_1 = n\lambda$. Et l'amplitude vaut

$A_{\max} = A_1 + A_2$. Dans ce cas les ondes s'ajoutent en phase.. L'amplitude minimale

aura lieu sous condition que $\varphi_2 - \varphi_1 = (2n + 1)\pi$, et la différence des parcours des

deux ondes $x_2 - x_1 = (2n + 1)\frac{\lambda}{2}$. Dans ce cas l'amplitude vaut $A_{\min} = A_1 - A_2$, ce qui correspond à la superposition d'ondes de phases opposées. Si les amplitudes des deux ondes seront égales, c'est à dire $A_1 = A_2 = A$, alors l'amplitude la plus faible sera égale à zéro, et l'amplitude maximale sera le double de l'amplitude des deux ondes cumulées. En cas d'égalité des amplitudes, la phase de l'oscillation

résultante sera égale à: $\operatorname{tg} \varphi = \left[\frac{1}{2k(x_2 - x_1)} \right]$ et ne dépendra pas de la position du point d'observation. En tout point de l'espace où se produit l'interférence, la phase d'oscillation est la même, ce qui correspond à des ondes stationnaires.

L'amplitude de ces ondes provient de (3) et vaut: $A = A_2 \cos \frac{\varphi_2 - \varphi_1}{2}$. En cas de présence d'ondes de directions opposées ayant des amplitudes distinctes $A_1 > A_2$. En cas de superposition de telles ondes, il se forme une onde stationnaire qui a une

amplitude : $A_{\max} - A_{\min} = (A_1 + A_2) - (A_1 - A_2) = 2A_2$, mais aussi des ondes mobiles à l'amplitude $A_1 - A_2$, qui se propagent dans la direction de l'onde à l'amplitude commune A_1 . Lors de l'enregistrement, ces ondes mobiles créent un fond au dessus duquel on constate la présence d'une modulation, conditionnée par l'onde stationnaire « *respirante* » du type d'un breaser soliton tubulaire cylindrique : Dans le

cas d'un miroir immobile du résonateur externe, il se forme, dans notre cas, un soliton-breaser quantique, cylindrique, immobile mais « *respirant* ».

En physique non linéaire, ce genre de solitons est appelé « *breezer* », précisément parce que tout en restant sur place, ou bien se déplaçant autour de discontinuités (par exemple des miroirs), il respire (to **breath**, en anglais). Il nous semble que c'est cette « *respiration optique de soliton* » à basse fréquence qui génère les ondes radio * et **. L'ADN, les ribosomes et le collagène sont sujets à ces « *respirations à solitons, acoustiques, électromagnétiques* » dans le cadre du phénomène FPU [25]. Les oscillations des réticules à cristaux liquides de l'ADN, induisent l'apparition d'ondes transversales d'intensité, qui s'expriment par la variation du diamètre du breaser-soliton quantique, tubulaire, cylindrique qui peut se déplacer en induisant un large spectre d'ondes radio. Le diamètre d'un tel soliton peut s'accroître ou se rétrécir lors du mouvement direct ou inverse du miroir externe du résonateur. Le système des anneaux mobiles (les projections des tubes solitons) plus ou moins déformés (modulés) par la préparation à l'étude, peut être observé à l'écran qui est installé entre le miroir externe et le filtre spatial du photo détecteur. Le mouvement d'un tel soliton-breaser peut conduire à l'amplification des ondes mobiles que l'on a évoqué précédemment. De cette façon il se produit un apport d'énergie mutuel des ondes mobiles par le soliton-breaser et inversement. On peut supposer que l'apport d'énergie dépensée par le soliton, provient de l'énergie stochastique kT du fond, aux dépens de la résonance stochastique au travers du filtre d'adaptation entre les harmoniques paires des macro et micro systèmes, où le macro système est constitué par le soliton-breaser, et le micro système est constitué par un oscillateur séparé quantique tel que la molécule d'ADN.

La première idée de l'utilisation de l'énergie kT pour le nourrissage des solitons est étudiée dans la travail de Pippard et dans nos études ultérieures concernant la création de lasers à base de molécules biologiques d'information, en particulier de lasers utilisant des ondes à solitons [3, 3, 16, 34, 35]. Nous entendons par « *filtre d'adaptation* », l'instrument de réalisation du principe commun du couplage harmonique, c'est à dire d'une interaction non contrariée, consentie. Calculons le diapason du spectre de fréquences généré par une telle « *respiration* » opto-électromagnétique dans nos expériences, par le fait du mouvement de notre {74} miroir externe de résonateur. Le spectre de fréquences du résonateur se détermine par le temps de parcours du rayon sur tout le chemin optique depuis le fond du miroir le plus éloigné jusqu'au miroir externe du résonateur, selon la formule connue³⁷ :

³⁷ V. V. Sereguine, R. M. Koukouliev, Les gyromètres à laser et leurs applications. Moscou 1990. Серегин В.В., Кукулиев Р.М. Лазерные гироскопы и их применение. М., 1990.

$$\gamma = \frac{C}{\sum l_i n_i} K,$$

où K est un entier, l_i et n_i sont la longueur et l'indice de réfraction du segment i du résonateur, $L_{res} = \sum l_i$ la longueur du résonateur, C est la vitesse de la lumière dans le milieu.

Communément, un résonateur possède plusieurs types d'ondes mobiles pour les quelles le nombre K diffère d'une unité, et dépend du nombre modes. Un tel régime est multimodal. La différence des fréquences entre deux modes voisins est représentée ainsi:

$$\Delta\gamma_n \cong \frac{C}{L_{res}}$$

À l'intérieur du résonateur, la largeur du spectre de rayonnement se réduit sensiblement. Il est connu que la qualité d'un résonateur se mesure par:

$$Q = 2\pi \frac{U_0}{U_r}, \text{ où } U_0 \text{ est l'énergie préservée dans le résonateur.}$$

$U_r = U_0 \cdot K_\pi \cdot \frac{C}{L_{res}} \cdot T_\gamma$ est l'énergie dissipée dans le résonateur en un cycle de temps de traversée du résonateur T_γ .

Où K_π est le coefficient des pertes sommaires,

U_0 , K_π sont les pertes d'énergie en un passage dans le résonateur,

L_{res} / C le temps de passage dans le résonateur.

En remplaçant U_r dans Q , et en tenant compte que $T_\gamma = 1/\gamma_0$, nous obtenons:

$$Q = 2\pi \frac{L_{res}}{K_\pi \cdot C \cdot T_\gamma} = 2\pi \frac{L_{res} \gamma_0}{K_\pi C} = 2\pi \frac{L_{res}}{\lambda_n \cdot K_\pi},$$

comme $C = \lambda \gamma$, alors $\lambda = C / \gamma_0$; nous réécrivons : $Q = 2\pi \frac{L_{res}}{\lambda_n \cdot K_\pi};$

En partant de la valeur de la fiabilité du résonateur, nous trouvons la largeur du

spectre du résonateur:
$$\Delta\gamma_{res} = \frac{\gamma_0}{Q} = \frac{\gamma_0 \lambda_n K_\pi}{2\pi L_{res}} = \frac{C \cdot K_\pi}{2\pi L_{res}}, \quad (4)$$

qui s'avère être le diapason du spectre de rayonnement des ondes radio.

Le travail ³⁸ a montré le lien entre la largeur du spectre du résonateur et la largeur de la ligne de rayonnement:

$$\Delta\gamma_n = \frac{8\pi\hbar\gamma_0}{P} \cdot \Delta\gamma^2_{res}, \quad (5)$$

{75}

où P est la puissance du rayonnement pour un mode donné,

$\hbar\gamma_0$ est l'énergie du quanta. Un calcul simple depuis la formule (4) montre que pour les valeurs suivantes:

$$K_n = 10\%; \quad L_{res} = 0,54\text{M}; \quad \lambda_{\omega_0} = 632,8 \text{ nm},$$

et $I_j = 1 \text{ mW}$, on obtient les valeurs : $\Delta\gamma_{res} = 8,85 \cdot 10^3 \text{ kHz}$, $\Delta\gamma_n = 0,007 \text{ Hz}$

Ce sont des ondes radio transformées, produites depuis le faisceau laser, dans le domaine des mégahertz, ce qui a bien été enregistré lors de nos expériences.

Le développement détaillé de notre modèle quantique- électrodynamique de production d'ondes radio à partir de la lumière, est lié avec la théorie du champ de Maxwell et des idées sur l'apparition des particules élémentaires qui possèdent une oscillation rotatoire des vecteurs électromagnétiques Oumov Poïting. Dans l'avenir, ce modèle va permettre d'approfondir la compréhension du mécanisme du passage de l'espace à la matière, et inversement, et par la suite, la révision de la notion du temps. L'application pratique de cette théorie permettra d'expliquer des effets « *anormaux* » et depuis longtemps connus, comme la résilience des bactéries thermophiles aux températures qui dépassent de loin le domaine de la stabilité thermodynamique des polymères informationnels de l'ADN et des protéines, ainsi que la résistance « *anormale* » de certains systèmes biologiques à d'énormes niveaux de radioactivité. À son tour cela peut apporter la lumière sur la compréhension des principes du vieillissement et de la résistance au vieillissement des organismes, par le truchement des filtres accordants du système biologique et du milieu environnant, des filtres qui se répètent fractalement aux niveaux micro et macroscopiques (depuis les particules élémentaire aux bactéries et à l'homme).

³⁸ Fedorov B. V., Cheremetiev A. G., Oumnikov V. N., Les gyroscopes optiques et quantiques. 1997, Moscou, page 222.

(Федоров Б.В., Шереметьев А.Г. Умников В.Н. Оптические и квантовые гироскопы. 97. М., С.222.)

Il existe une confirmation théorique de notre modèle de génération d'ondes radio depuis les excitations à solitons. Toujinsky et coauteurs ont montré dans leur travail³⁹ le lien de complémentarité entre deux théories, qui en apparence n'ont rien en commun, dans lesquelles on étudie deux modèles physiques qui expliquent le comportement inhabituel de systèmes biologiques. Ces modèles sont proposés par Herbert Frölich et Alexandre Davydov. Ce qu'on appelle les solitons de Davydov, qui décrivent l'excitation, la délocalisation et le mouvement d'électrons le long des chaînes peptidiques des molécules de protéines sous forme d'ondes isolées (solitons)⁴⁰, viennent compléter le modèle connu de Frölich⁴¹ et qui est développé dans notre travail [16] à propos de la possibilité d'existence d'un état hautement polarisé (cohérent, semblable au laser) des dipôles oscillants des molécules biologiques informationnelles, dipôles apparaissant lors de la condensation des phonons de Bose des ondes électromagnétiques des protéines ($10^{12} - 10^{13}$ Hz), l'ADN (10^9 Hz), des membranes ($0,5 \cdot 10^{11}$ Hz). Dans le travail [voir ref. 2 page 85] le hamiltonien de Davydov est transformé dans les coordonnées normales, le hamiltonien de Frölich est transformé canoniquement dans une forme équivalente dans le cadre de l'approximation Chartry-Foca. Les auteurs pensent que le modèle de l'hamiltonien est capable de lier les deux théories, qui sont équivalentes mathématiquement.

En outre, les deux modèles se complètent physiquement. La condensation de Bose des modes vibratoires des polymères biologiques, correspond à la dispersion du soliton de l'onde {76} de polarisation. Et inversement le transport par solitons de l'énergie aux limites le long de la chaîne peptidique s'accompagne de la condensation de Bose des vibrations réticulaires des structures biologiques.

Il en découle que le soliton engendre un champ électromagnétique, et il est possible que cela soit le même effet que nous observons dans nos expériences, lorsque le soliton-breiser optique oscillant, qui exprime l'excitation soliton de l'ADN, produit des ondes radio amplifiées de résonance optique.

³⁹ Tuzinsky J.A., Paul R., Chatterjee R., Sreenivasan S.R. // Phys. Rev. and General Physics. 1984. V.30. No 5. P.2666 –2675.

⁴⁰Davydov A. S., Les solitons dans les systèmes moléculaires. Kiev., 1984. Page 288.
(Давыдов А.С. Солитоны в молекулярных системах. Киев.,1984.С. 288..)

⁴¹ Frolich H. // Phys. Lett., 1968.V.26A. P.402.

Frolich H. // Phys. Lett., 1972.V.29A. P.153 – 154.

Frolich H.// Proc.Natl.Acad.Sci. USA.1975. V.72.P.4211 – 4215.

Frolich H.// Neurosci. Res. Programm. Bull. 1977.V.15. P.67 – 72.

Encore une idée séduisante: La conversion de photons cohérents, endogènes, générés par les chromosomes, en ondes radio dans le système biologique, peut se produire d'après le principe des trois miroirs, sur les très nombreuses surfaces réfléchissantes des membranes, par analogie avec nos modèles d'essais. Cela peut expliquer le miroitement des organes et des tissus des êtres vivants. Cela nous permet d'espérer que nous réussirons à manipuler, in vitro-in vivo, les flux lumineux laser, produits par la chaîne infiniment complexe des conduits de lumière de la cellule vivante, et qui se transforment, sur les membranes biologiques, en ondes radio sémiotiques. De tels processus peuvent être utilisés comme base pour la création d'ordinateurs, nouveaux dans leur principe, plus précisément des ordinateurs biologiques.

Résultats fondamentaux

1. Il a été réalisé une simulation mathématique numérique d'excitations à solitons dans la molécule d'ADN, qui a montré la capacité d'ondes solitaires (au niveau des oscillations rotatoires des nucléotides) de réagir sur la structure primaire de l'ADN et de servir par ce moyen de transmission instantanée d'information textuelle et autre forme sémiotique du génome.
2. Il a été enregistré expérimentalement des processus, semblables à des solitons, dans des gels d'ADN in vitro, en tant que réalisation du phénomène d'onde en retour de Fermi-Pasta-Ulam (FPU). On démontre par là, la possibilité de principe du fonctionnement de l'appareil génétique des systèmes biologiques, avec l'utilisation de la mémoire du génome de type FPU, et d'un procédé jusque là inconnu, de transmission de signaux de pilotage du génome, in vivo à l'aide de champs.
3. Il est démontré expérimentalement la possibilité d'existence d'une information épigénétique, convertie dans la forme d'un champ électromagnétique, dans lequel se réalise un retour spatio-temporel FPU. Il est également démontré qu'une telle information pourrait se transmettre, de façon artificielle, à l'aide du générateur FPU, d'un système biologique du donneur vers le système biologique de l'accepteur, ce qui correspond probablement aux processus du « *métabolisme* » des signaux épigénétiques in vivo. Un tel processus est, probablement, une imitation primitive du principal canal d'information, qui est lié au Créateur.
4. Il a été découvert le modèle numérique de la représentation fractale, qui a montré que la parole humaine (les textes) et les séquences des nucléotides (les textes ADN) possèdent une structure mathématique voisine.
5. Le pilotage du développement des systèmes biologiques supérieurs se déroule avec l'utilisation de matrices matérielle et ondulatoires,

solitoniennes et holographiques du génome, ainsi que d'unités sémiotiques, semblables à la parole humaine et probablement avec la parole du Créateur. {77}

6. Il a été élaboré des équipements techniques, grâce aux quels il a été possible de découvrir les bases primaires du pilotage ondulatoire des systèmes biologiques, sur la base du phénomène d'onde en retour de Fermi-Pasta-Oulam (FPU) et des fonctions épigénétiques et linguistiques des molécules génétiques.

Bibliographie

1. *Anderson S. et al., Sequence and organization of the human mitochondrial genome. // Nature. 1981. V. 290. P. 457–465.*
2. *Berezin A.A., Gariaev P.P., Gorelik V.S., Reshetniak S.A., Shcheglov V.A. Is it possible to create laser on information bio macromolecules? // Laser Physics.1996. V.6. No 6. P.1211–1213.*
3. *Berezin A.A., Gariaev P.P., Reshetniak S.A., Shaitan K.V., Shcheglov V.A. To the problem of possible development at a bio-laser working on Frolich modes. // Preprint de l'Institut de Physique "P. N. Lebedev." 1996. N° 49. Page 12. (Препринт Физического Института им. П.Н.Лебедева. 1996. No 49. С.12.)*
4. *Crick F.H.C. Codon-anticodon pairing: the wobble hypothesis.// J. Mol. Biol. 1966.V. 19.P.548–555.*
5. *Gariaev P.P. "In vitro-in vivo" DNA conjugation with brain activity and the supreme intellect. // Creation Research Society Quarterly. (in pr.)*
6. *Gariaev P.P. DNA as source of new kind of God "knowledge". Act and Facts.// Impact Series.1994. No 12.P. 7–11.*
7. *Gariaev P.P. Acupuncture points as a resonance structures. Act and Facts.// Impact Series. (in pr.)*
8. *Gariaev P.P., Chudin V.I., Komissarov G.G., Berezin A.A., Vasiliev A.A. Holographic associative memory of biological systems. SPIE - The International Society for Optical Engineering. CIS Selected Papers. // Coherent Measuring and Data Processing Methods and Devices.1991.V.1621.P.280–291.*
9. *Kirkwood T.B., Rosenberg R.F., Galas D.J., eds. Accuracy in molecular Processes: Its control and Relevance to living Systems.// Chapman and Hall.*

London, 1986. (Chapters 4–6,11).

10 *Kuo-Chen Chou*. Low frequency collective motion in bio-macro-molecules and its biological functions. // *Biophys. Chem.*. 1988. V. 30. No1. P. 3–48.

11. *Lagerkvist U.* “Two out of Three”: an alternative method for codon reading. *Proc.// Natl. Acad. Sci. USA.*, 1978.V. 75. P. 1759–1762.

12. *Mantegna R.N., Buldyrev S.V., Goldberger A.L., Havlin S., Peng S.-K., Simons M. and Stanley H.E.* Linguistic Features of Noncoding DNA Sequences. // *Phys. Rev. Lett.* 1994.V.73. No 23. P.3169–3172.

13. *Stanley H.E., Buldirev S.V., Goldberger A.L., Havlin S., Mantegna R.N., Peng S.-K. and Simons.* Statistical and Linguistic Features of Noncoding DNA: A Heterogeneous “Complex System”. // *IL NUOVO CIMENTO. M.*,1994.V.16D. No 9. P.1339–1356.

14. *Maslov M.U., Gariaev P.P.* Fractal Presentation of Natural Texts and Genetic Code. “QUALICO-94” (Second International Conference on Quantative Linguistics). September 20–24. 1994. Moscow. Lomonosov State University Philological Faculty. P. 107–108.

15. *Matsumoto M., Sakaguchi T., Kimura H., Doi M., Minagawa K., Matsuzawa Y., Yoshikawa K.* Direct observation of Brownian motion of macromolecules by fluorescence microscope. // *J. Polymer Sci., Part B. : Polymer Physics.* 1992.V. 30. No 7. P. 779–783.

16. *Reshetnyak S.A., Shcheglov V.A., Blagodatskikh V.I., Gariaev P.P., Maslov M.Yu.* Mechanism of electromagnetic radiation interaction with a bio-system. // *Laser Physics.* 1996.V.6. No 2. P.621–653.

17. *Zipf G.K.* Human Behaviour and the Principle of Least Effort (Addison -Wesley Press, Cambridge, MA). *Shannon C.E.* 1948. *Bell. Syst.Tech.J.* 1949. V.27. P.379.

Bobrova M. G., Polycarpov A.A., Linguistique quantitative et l'analyse automatique des textes. Tartou. 1984, pages 35-59. (Борода М.Г., Поликарпов А.А. Квантитативная лингвистика и автоматический анализ текстов. Тарту., 1984. С.35-59.) Boroda M.G., Polykarпов A.A. Zipf-Mandelbrot. Low and Units of Different Text Level Organization. // *Muzicometrica. Bohum.* 1988. No 1.

18. *Agaltzov A. M., Garaiev P. P., Gorelik V. S., Rachmamulaïev I. A., Chtcheglov V. A.,* Luminescence excitable di photonique des structures biologiques. // *Electronique*

quantique. 1996. T.23. N° 2, pages 181-184. (*Агальцов А.М., Горяев П.П., Горелик В.С., Рахматуллаев И.А., Щеглов В.А.* Двух-фотоно-возбуждаемая люминесценция в генетических структурах. // Квантовая электроника. 1996. Т.23. No 2. С.181–184.)

19. Agaltzov A. M., Garaiev P. P., Gorelik V. S., Chtcheglov V. A. Les spectres de la luminescence excitable, non linéaire, dans les nucléosides-triphosphates. // L'électronique quantique. 1993. T.20. N°4. Pages 371-373. (*Агальцов А.М., Горяев П.П., Горелик В.С., Щеглов В.А.* Спектры нелинейно возбуждаемой люминесценции в нуклеозид-три фосфатах. // Квантовая электроника. 1993. Т. 20. No 4. С. 371–373.)

20. Alberts B., Brey D., Louis J., Reff M., Roberts K., Watson J. // *Biologia moléculaire de la cellule*. Moscou. 1994. Tome 1 (*Альбертс Б., Брей Д., Льюис Дж., Рэфф М., Робертс К., Уотсон Дж.* // Молекулярная биология клетки. М., 1994г. Т1.)

21. *Beklemichev V. N.*, Méthodologie de la systématique. KMK Ltd SCIENTIFIC PRESS (d'après un manuscrit de 1928) Moscou 1994 page 128 (*Беклемишев В.Н.* Методология систематики. KMK Ltd SCIENTIFIC PRESS. (по рукописи 1928г.). М., 1994.С.128.)

22. *Berezine A. A.*, Analyse du processus de formation et de propagation de l'impulsion nerveuse du point de vue de la théorie des solitons, des lignes de transmission longues. VINITI DEP 1986. N° 6852-B86. 09 (Березин А.А. Анализ процесса формирования и распространения нервного импульса с позиции теории солитонов в длинных линиях передачи. ВИНТИ ДЕП 1986. No 6852-B86. 09.) *Berezine A. A.* Interprétation des molécules ADN sous forme d'un résonateur électrique Fermi-Pasta-Oulam. VINITI 905-B88 du 03.08.1988. (Березин А.А. Интерпретация молекул ДНК в виде электрического резонатора Ферми-Паста-Улама. Деп. ВИНТИ 905-B88 от 03.08.1988.)

23. *Berezine A. A., Garaiev P. P.*, Rapport: « La simulation du rayonnement électro acoustique de l'ADN, comme porteur de l'information biologique ». Académie des Sciences de Russie. Institut de Physique biochimique. 2^{ème} symposium international « les mécanismes d'action des très faibles doses de rayonnements ionisants » (les thèses), Moscou 23-26 mai 1995, page 122. (Березин А.А., Горяев П.П. доклад: “Моделирование электроакустического излучения ДНК как носителя биоинформации”. Российская Академия Наук. Институт Биохимической Физики. 2-й Международный симпозиум “Механизмы действия сверхмалых доз

ионизирующих излучений” (тезисы). М., 23–26 мая 1995г. С.122.)

24. *Blagodatsky V. I., Gariaev P. P., Leonova E. A., Maslow M. Y., Chaïtan K. V., Chtcheglov V. A.* De la dynamique d'apparition des dislocations dans les molécules d'ADN. // Nouvelles brèves de physique. Institut de Physique. Académie des Sciences de Russie. Moscou. 1996. N° 3-4, pages 9-14. (*Благодатских В.И., Горяев П.П., Леонова Е.А., Маслов М.Ю., Шай-тан К.В., Щеглов В.А.* О динамике возникновения дислокаций в молекуле ДНК.// Краткие сообщения по физике. Физический Институт РАН. М., 1996. No 3–4. С.9–14.)

25. *Gariaev P.P.* Le génome ondulatoire. Moscou 1994, page 279. (*Гаряев П.П.* Волновой геном. М., 1994. С.279.)

26. *Gariaev P. P.* La crise de la génétique et la génétique de la crise. Moscou 1994. N° 1-6. Pages 46-49. (*Гаряев П.П.* Кризис генетики и генетика кризиса. М., 1994. No 1–6. С. 46–49.)

27. *Gariaev P. P. Vassiliev A. A., Berezine A. A.,* Le génome en tant qu'ordinateur biologique. // Hypothèse (Journal indépendant des Sciences) 1991. N°1 pages 24-43. 1991-1992. (*Гаряев П. П., Васильев А. А., Березин А.А.* Геном как голографический компьютер. // Гипотеза (независ. науч. ж.) 1991. No 1. С. 24–43. 1991–1992. No 1. 49-64.)

28. *Gariaev P. P. Vikhert A., M., Zakharkina G. A.* La synthèse biologique des composés semblables à la réserpine, dans le myocarde et d'autres tissus de l'être humain et des animaux. Bulletin de biologie expérimentale. 1978. N°8, pages 170-172. (*Гаряев П.П., Вихерт А.М., Захаркина Г.А.* Биосинтез резерпин подобных веществ в миокарде и других тканях человека и животных. // Бюлл. Экспер. Биол. 1978. No 8. С. 170–172.)

29. *Gariaev P. P., Vnouchkova V. A., Chelepina G. A., Komissarov G. G.* Modulations verbales sémantiques des résonances Fermi-Pasta-Oulam, en tant que méthodologie d'entrée dans l'ordre sémiotique de régulation du génome. // Journal de la pensée physique russe. 1994. Tome 21 N° 1-4. Pages 17-28. (*Гаряев П.П., Внучкова В.А., Шелепина Г.А., Комиссаров Г.Г.* Вербально-семантические модуляции резонансов Ферми-Паста-Улама как методология вхождения в командно-образный строй генома.// Журнал русской физической мысли. 1994. No 1–4. С. 17–28.)

30. *Gariaev P. P., Gorelik V. S., Kozouline E. A., Chtcheglov V. A.*, La luminescence excitable par doubles photons, en phase solide ADN. // *Electronique quantique*. 1994. Tome 21. N°6. Pages 604-604. (*Гаряев П.П., Горелик В.С., Козулин Е.А., Щеглов В.А.* Двухфотонно возбуждаемая люминесценция в твердотельной фазе ДНК. // *Квантовая электроника*. 1994. Т. 21. No 6. С. 603–604.)
31. *Gariaev P. P., Gorelik V. S., Mousseienko V. N., Poponine V. P., Tchoudine V. I.*, La dispersion combinatoire de la lumière sur les modes réticulaires des nucléosides-triphosphates. // *Nouvelles brèves de Physique*. Institut de Physique. Académie des Sciences Russie. Moscou. 1992. N° 1-2. Pages 33-36. (*Гаряев П.П., Горелик В.С., Мусеенко В.Н., Попонин В.П., Чудин В.И., Щеглов В.А.* Комбинационное рассеяние света на решеточных модах нуклеозид-три фосфатов. // *Краткие сообщения по физике*. Физический Инст. РАН. М., 1992. No 1–2. С.33–36.)
32. *Gariaev P. P., Grigoriev K. V., Vassiliev A. A., Chtcheglov V. P., Poponine V. P.* Etude de la dynamique fonctionnelle de solutions d'ADN, par la méthode de spectroscopie corrélacionnelle laser. // *Nouvelles brèves de physique*. Institut de physique. Académie des Sciences de Russie. Moscou 1992. N° 11-12, pages 63-69. (*Гаряев П. П., Григорьев К. В., Васильев А. А., Попонин В. П., Щеглов В. А.* Исследование флуктуационной динамики растворов ДНК методом лазерной корреляционной спектроскопии. // *Краткие сообщения по физике*. Физический Институт РАН. М., 1992. No 11–12. С. 63–69.)
33. *Gariaev P. P., Grogoriev K. V., Dzekounov S. V., Chtcheglov V. P.* La dynamique des ADN de plasmides. // *Nouvelles brèves de physique*. Institut de physique. Académie des Sciences de Russie. Moscou 1993. N° 9-10, pages 37-41. (*Гаряев П. П., Григорьев К. В., Дзекунов С. В., Щеглов В. А.* Динамика плазмидных ДНК. // *Краткие сообщения по физике*. Физический Институт РАН. М., 1993. No 9–10. С. 37–41.)
34. *Gariaev P. P., Maslow M. Y., Rechetniak S. A., Chtcheglov V. P.*, L'interaction du rayonnement électromagnétique avec les molécules biologiques informationnelles. « Modèle d'antenne ». // *Nouvelles brèves de physique*. Institut de physique. Académie des Sciences de Russie. Moscou 1996. N° 1-2, pages 54-59. (*Гаряев П.П., Маслов М.Ю., Решетняк С.А., Щеглов В.А.* Взаимодействие электромагнитного излучения с информационными био макромолекулами. “Антенная модель”. // *Краткие сообщения по физике*. Физический Институт РАН. 1996. No 1–2. С.54–59.)

35. *Gariaev P. P., Maslow M. Y., Rechetniak S. A., Chtcheglov V. P.*, Modèle de l'interaction du rayonnement électromagnétique avec les molécules biologiques informationnelles. // Nouvelles brèves de physique. Institut de physique. Académie des Sciences de Russie. Moscou 1996. N° 1-2, pages 60-63. (*Гаряев П.П., Маслов М.Ю., Решетняк С.А., Щеглов В.А.* Модель взаимодействия электромагнитного излучения с информационными биомакромолекулами.// Краткие сообщения по физике. Физический Институт РАН.1996. No 1–2. С.60–63.)

36. *Gariaev P. P., Tamour V. Y., Younine A. M.*, Nouvelle approche de l'évolution du Vivant et la Noosphère. La clause de la Noosphère. //Noosphère. Moscou. 1988. Partie 1. Pages 286-292. (*Гаряев П.П., Тамур В.Ю., Юнин А.М.* Новый подход к эволюции Живого и ноосфера. Клаузула ноосферы. // Ноосфера. М.,1988. Ч.1.С. 286– 292.)

37. *Gariaev P. P., Tchoudine V. I., Berezine A. A., Yalakas M. E.*, Le bioordinateur chromosomique // Le médecin 1991 N° 4, pages 30-33. (*Гаряев П.П., Чудин В.И., Березин А.А., Ялакас М.Э.* Хромосомный биокомпьютер.// Врач. 1991.No 4.С. 30–33.)

38. *Gariaev P. P., Leonova E. A.*, L'appareil génétique en tant que système de régulation ondulatoire // Conférence internationale scientifique et pratique « L'analyse des systèmes au seuil du XXI siècle : Théorie et pratique ». Moscou 1996. Pages 69-78. (*Гаряев П.П., Леонова Е.А.* Генетический аппарат как волновая управляющая система. // Международная научно-практическая конференция “Анализ систем на пороге XXI века: теория и практика”. М,1996. С. 69–78.)

39. *Gariaev P. P., Leonova E. A.*, Révision du modèle du code génétique // Conscience et la réalité physique. 1996. Tome 1. N° 1-2. Pages 73-84. (*Гаряев П.П, Леонова Е.А.* Пересмотр модели генетического кода. // Сознание и физическая реальность. 1996. Т.1. No1–2. С.73–84);

Gariaev P. P., Leonova E. A., Chtcheglov V. A. Chachine A. A., Les structures linguistiques et ondulatoires du code génétique. 1996. IMEDIS. (à l'impression). (*Гаряев П.П., Леонова Е.А.,Щеглов В.А., Шашин А.А.* Лингвистическая и волновая структуры генетического кода.1996.М.,ИМЕДИС. (в печати).)

40. *Gariaev P. P., Leonova E. A., Makedonsky S. N.*, Le bioordinateur par molécules biologiques : une réalité. // Les technologies de l'information. N° 5. Moscou 1997. Pages 42-46. (*Гаряев П.П., Македонский С.Н., Леонова Е.А.* Биокомпьютер на

генетических молекулах как реальность.// Информационные технологии. No 5. М.,1997. С.42–46.)

41. *Gariaev P. P., Maslow M. Y., Rechetniak S. A., Chaïtan K. V., Chtcheglov V. P.*, L'influence de la non linéarité des liaisons entre nucléotides voisins, sur la dynamique de distribution des excitations de conformation, dans les molécules d'ADN. // Nouvelles brèves de physique. Institut de physique de l'Académie des Sciences (à l'impression) 1996. (*Гаряев П.П., Маслов М.Ю., Решетняк С.А., Шайтан К.В., Щеглов В.А.* Влияние нелинейности связей между соседними нуклеотидами на динамику распространения конформационных возмущений в молекулах ДНК.// Краткие сообщения по физике ФИАН. (в печати) 1996.)

42. *Gariaev P. P., Tertyshny G. G. Gotowsky Y. V.*, La transformation de la lumière en ondes radio. 3^{ème} conférence internationale « Les aspects théoriques et cliniques de l'application de la thérapie adaptative à résonance et multi résonance. « IMEDIS ». Moscou. 1997. 18-20 avril 1997. Pages 303-313. (*Гаряев П.П., Тертышный Г.Г., Готовский Ю.В.* Трансформация света в радиоволны. III международная конференция “Теоретические и клинические аспекты применения адаптивной резонансной и мульти резонансной терапии”. “ИМЕДИС”. М.,1997. 18–20 апреля 1997г. С.303–313.)

43. *Gotowsky Y. V., Komissarov G. G., Gariaev P. P.*. Nouvelle méthode de diagnostic des maladies à partir des sept points fondamentaux d'acupuncture. 2^{ème} Conférence internationale « Les aspects théoriques et cliniques de la thérapie de résonance et multi résonance. « IMEDIS ». Moscou. 1996. Pages 164-169. (*Готовский Ю.В., Комиссаров Г.Г., Гаряев П.П.* Новая методика диагностики заболеваний по семи основным точкам акупунктуры. 2-я Международная конференция “Теоретические и клинические аспекты биорезонансной и мульти резонансной терапии”. “ИМЕДИС”. М., 1996.С.164–169.)

44. *Grynevitch G. S.* Les écrits proto slave (les résultats du décryptage) Moscou. 1993. Tome 1. Page 323. (*Гриневич Г.С.* Праславянская письменность (результаты дешифровки). М., 1993. Т1. С. 323.)

45. *Gurvitch A. G.* Œuvres choisies. Moscou 1977. page 351. (*Гурвич А.Г.* Избранные труды. М. 1977. С. 351.

46. *Ingue-Vetchtomov S. G.* La génétique sur la base de la sélection. Moscou. 1989. Pages 404-405. (*Инге-Вечтомов С.Г.* Генетика с основами селекции. М., 1989. С. 404–405.)

47. *Lioubichtchev A. A.* De la nature des facteurs héréditaires. Perm. 1925. Page 120. (*Любичев А.А.* О природе наследственных факторов. Пермь.1925.С. 120.)
48. *Makovsky M. M.* La génétique linguistique. Moscou. 1992. Page 190. (*Маковский М.М.* Лингвистическая генетика. М. 1992.С. 190.)
49. *Nalimov V. V.* La spontanéité de la conscience. Moscou. 1989. Page 287. *Налимов В.В.* Спонтанность сознания. М.1989. С.287.
50. *Prangchvili I. V., Anouachvili A. N. Maklakov V. V.* Les règles d'expression de la mobilité de l'objet. Recueil des œuvres de l'Institut des problèmes de Régulation de l'Académie des Sciences. Moscou 1993. Tirage 1. Pages 7-10. (Les travaux de l'auteur pour 1996 sont réalisés avec l'aide financière de RFFI (projet 6-0218855-a) qui est prolongée jusqu'à 1997). (*Прангшвили И.В. Ануашвили А.Н. Маклаков В.В.* Закономерности проявления подвижности объекта. Сборник трудов Института проблем управления РАН. М.1993. Выпуск 1. С.7-10. (Авторские работы за 1996г. выполнены при финансовой поддержке РФФИ (проект 96-02-18855-a), которая продлена и в 1997г.).
51. *Solomonik A.* Sémiotique et linguistique. Moscou. 1995. Page 346. (*Соломоник А.* Семиотика и лингвистика. М., 1995.С. 346.)
52. *Ingue-Vetchtomov S. G., Ter-Avanessian M. D.* Contrôle génétique de la synthèse de la protéine. Édition de l'Université de Leningrad. Leningrad. 1988. Page 294. (*Тер-Аванесян М. Д., Инге-Вечтомов С.Г.* Генетический контроль синтеза белка.. Изд. Ленинградского Университета .Л., 1988. С. 294.)
53. *Gariaev P. P., Troubnikov B. A.* La sémiotique de l'ADN. Centre Scientifique russe « Institut Kourchatov ». IAE-5690-1. Moscou. 1993. Page 27. (*Трубников Б.А., Гаряев П.П.* Семиотика ДНК. Российский Научный центр "Курчатовский Институт". ИАЭ-5690/1. М.,1993. С.27.)
54. *Gariaev P. P., Troubnikov B. A.* La « parole » de la molécule ADN est-elle comparable à des programmes informatiques ? // Nature. Moscou 1995. N° 1. Pages 21-32. Edition Scientifique P. P Gariaev. (*Трубников Б.А., Гаряев П.П.* Похожа ли "речь" молекул ДНК на компьютерные программы? // Природа. М.1995. No 1. С.21-32. *Научное издание Петр Петрович Гаряев*)

Le code génétique ondulatoire

Rédacteur: N. N. Kondrakova, Infographiste: V. Guenerozova-Bougouïeva,
Correcteur: L. P. Gorbatcheva.

Signé pour l'édition le 23/7/1997. Format 60x84 1/16 Papier couché. Offset.
Tirage en 2000 exemplaires. Imprimé depuis des clichés fournis, chez « Astra 7 »

NDT : les chiffres entre accolades ({99}) renvoient aux pages du texte original russe en PDF.

Traduit par Almageste en 2019: chpolaz@gmail.com

