

## **Исследование присутствия генных последовательностей от предыдущих звуковых записей в общем пуле суммарной ДНК, полученном с помощью Random-праймеров.**

Поиск осуществляли в общем ДНК-пуле, полученном с помощью Random-праймеров и звуковой записи участка плазмиды длиной 547 п.н. Поиск генных последовательностей поджелудочной железы от предыдущего эксперимента осуществляли с помощью метода полимеразной цепной реакции (ПЦР). По сути, мы повторили генетический скрининг, который делали в эксперименте с поджелудочной железой, с тем отличием, что в случае с поджелудочной железой использовалась суммарная ДНК, которую получали со звуковой записи тканей поджелудочной на **окружающее пространство** непосредственно перед получением Random-ДНК-пула в ходе ПЦР. В текущем эксперименте использовали суммарную ДНК, полученную с Random-праймеров, после воздействия звуковой записи участка плазмиды 547 п.н, с целью выявить остаточный фон (**память**) в **окружающем пространстве** влияния предыдущей звуковой записи поджелудочной железы, который мог привести к синтезу активных копий панкреатических генов, **записанных как проявление долговременной многомесячной генетической памяти, природа которой пока неизвестна.**

Для ПЦР-анализа готовились стандартные реакционные ПЦР-смеси в количестве 21 штуки. Приготовление смесей осуществлялось в стерильном ПЦР-боксе, предварительно обработанном УФ-излучением, для предотвращения контаминации.

Все ПЦР-реактивы, включая стерильную воду, хранились при  $-20^{\circ}\text{C}$  в холодильнике и размораживались непосредственно перед приготовлением ПЦР-смесей.

**Каждая ПЦР-смесь содержала:** стерильную специально очищенную воду, магний-содержащий буфер, смесь трифосфатов (dNTPs), специфичные для генных последовательностей праймеры, термостабильную Taq ДНК-полимеразу. В образцах отрицательного контроля вместо ДНК-матрицы использовалась очищенная вода для ПЦР. В образцах положительного контроля использовалась геномная ДНК человека в количестве 50 нг. В экспериментальных образцах в качестве ДНК-матрицы использовались экспериментальные ДНК-образцы, полученные с помощью Random-праймеров и звуковой записи участка плазмиды длиной 547 п.н. (от предыдущего эксперимента).

Была проведена **полимеразная цепная реакция в течение 35 циклов**

со следующим температурным режимом:

первичная денатурация при  $95^{\circ}\text{C}$  – 3 минуты,

в каждом цикле:

денатурация  $94^{\circ}\text{C}$  – 1 минута,

отжиг  $62-65^{\circ}\text{C}$  – 1 минута,

элонгация  $72^{\circ}\text{C}$  – 1 минута,

завершающая элонгация - 5 минут.

Общая продолжительность ПЦР – 3-3,5 часа.

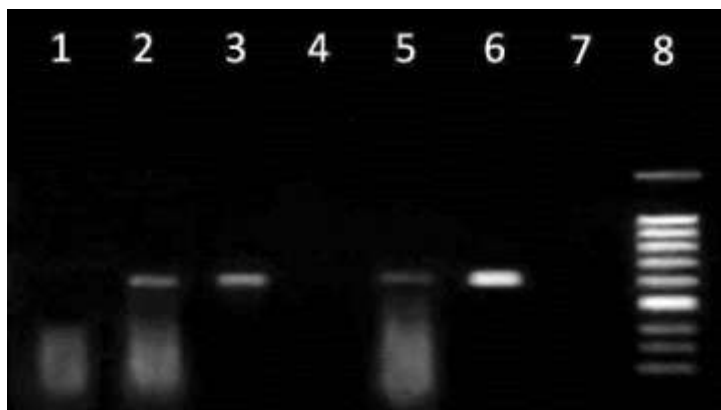
Температура отжига варьировала от 62 до  $65^{\circ}\text{C}$  в зависимости от структуры геноспецифических праймеров.

**Полимеразная цепная реакция (ПЦР) была произведена на ДНК-амплификаторе DNA Engine Cycler PTC-200 фирмы Bio-Rad Laboratories (США).**

В генетическом скрининге участвовали панкреатические гены, которые показали эффективность своей наработки в предыдущем эксперименте со звуковой записью тканей поджелудочной железы эмбриона человека. Это гены HNF6, HLXB9 (MNX1) и NEUROD1.

#### РЕЗУЛЬТАТ ГЕНЕТИЧЕСКОГО СКРИНИНГА НА ПРИСУТСТВИЕ ПАНКРЕАТИЧЕСКИХ ГЕНОВ

Форез №1. Ген HNF6 – 619 п.н.



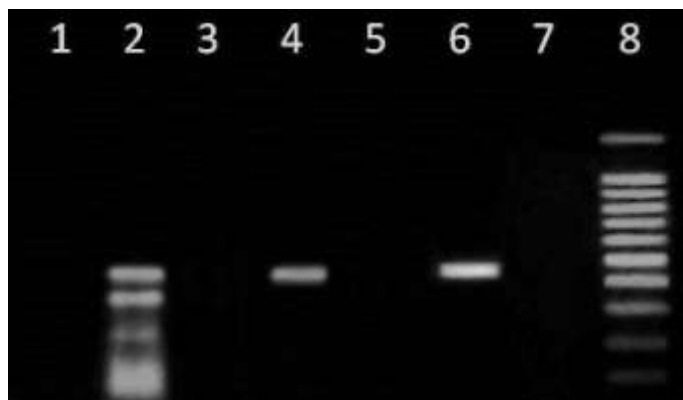
1-5 – **Экспериментальные пробирки**, в качестве ДНК-матрицы использовались ДНК-образцы, полученные с помощью Random-праймеров, из эксперимента со звуковой записью участка плазмиды длиной 547 п.н.

6 – Положительный контроль ПЦР на синтез гена HNF6 (добавлена геномная ДНК человека 50 нг).

7 – Отрицательный контроль ПЦР без добавления вещественного ДНК-образца – контроль на чистоту реактивов, то есть на отсутствие контаминации.

8 – 100 bp маркер длин фрагментов, видны фрагменты 200, 300, 400, 500, 600, 700, 800, 900, 1000 и 1500 п.н.

Форез №2. Ген HLXB9 (MNX1) – 473 п.н.



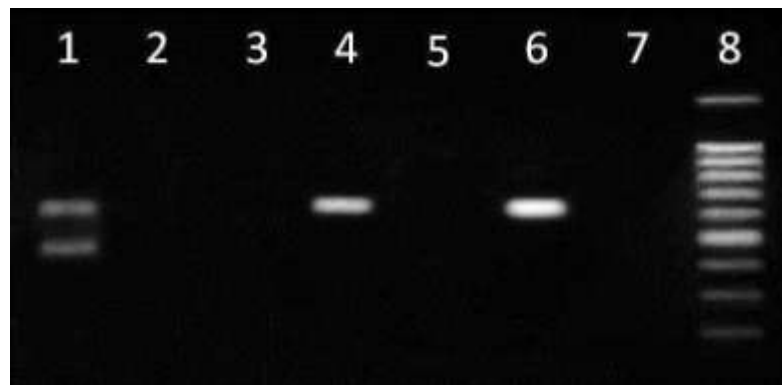
1-5 – **Экспериментальные пробирки**, в качестве ДНК-матрицы использовались ДНК-образцы, полученные с помощью Random-праймеров, из эксперимента со звуковой записью участка плазмиды длиной 547 п.н.

6 – Положительный контроль ПЦР на синтез гена NLXB9 (добавлена геномная ДНК человека 50 нг).

7 – Отрицательный контроль ПЦР без добавления вещественного ДНК-образца – контроль на чистоту реактивов, то есть на отсутствие контаминации.

8 – 100 bp маркер длин фрагментов, видны фрагменты 100, 200, 300, 400, 500, 600, 700, 800, 900, 1000 и 1500 п.н.

Форез №3. Ген NEUROD1 – 643 п.н.



1-5 – **Экспериментальные пробирки**, в качестве ДНК-матрицы использовались ДНК-образцы, полученные с помощью Random-праймеров, из эксперимента со звуковой записью участка плазмиды длиной 547 п.н.

6 – Положительный контроль ПЦР на синтез гена NEUROD1 (добавлена геномная ДНК человека 50 нг).

7 – Отрицательный контроль ПЦР без добавления вещественного ДНК-образца – контроль на чистоту реактивов, то есть на отсутствие контаминации.

8 – 100 bp маркер длин фрагментов, видны фрагменты 200, 300, 400, 500, 600, 700, 800, 900, 1000 и 1500 п.н.

### **ВЫВОДЫ:**

- 1) **В результате проведённого эксперимента мы обнаружили панкреатические гены в общем пуле суммарной ДНК, полученном с помощью Random-праймеров в эксперименте со записью участка плазмиды длиной 547 п.н. в виде квантового эквивалента на окружающем пространстве в форме особого вида пространственно-временной генетической памяти.**

То есть, возможно, мы зафиксировали феномен неизвестного вида пространственно-временной генетической памяти на гены поджелудочной железы с предыдущего опыта, памяти, которая может работать на пуле суммарной ДНК, полученной с общих Random-праймеров. Это доказывает долговременность записи и возможность хранения в общем пуле информации, с которой взаимодействуют праймеры со случайной последовательностью (ПСП).

- 2) ПСП могут долговременно сохранять способность взаимодействовать с волновыми репликами (квант. эквивалентами) генов, как минимум, три месяца, так как эксперимент с записью поджелудочной железы был сделан в апреле 2020 года.
- 3) Характерной особенностью обнаруженной долговременной пространственно-временной генетической памяти является её включение и выключение в пределах разных серий ПЦР с разными генами. Возможно, это элемент функционирования генома Covid-19 в пространстве-времени, как фактор его распространения квантовым путем.