Une autre interprétation du code génétique. Analyse théorique.

Académicien P. P. Garaïev
Institut de Génétique Quantique.

Open Journal of Genetics, 2015, 5, 92-109
Published Online June 2015 in SciRes.
http://www.scirp.org/iournal/oigen

Table de matière

Prelude 1
« Deux parmi trois » comme signe d'une quasi conscience du génome 10
Nouveaux types de mémoire des acides nucléiques—nouveau vecteur de codage 18
Les fantômes ADN et ARN. 18
La dynamique non linéaire de l'ADN, des ribosomes et du collagène 19
Le microARN (miARN). Son rôle possible dans le cadre de la GLO. 20
Bibliographie 22

Prelude

Ces dernières années on a vu se manifester de nombreux adeptes de l'idée clairvoyante, exprimée il y a bien longtemps du célèbre biologiste russe, A. G. Gurvitch, selon laquelle le grand espoir d'expliquer les fonctions réelles des chromosomes par les gènes était injustifié, et qu'il fallait de ce fait introduire la notion de champ biologique, c'est à dire du « champ équivalent des chromosomes » qui aurait donné une compréhension nouvelle aux fonctions de l'appareil génétique [1]. C'est ce qu'il est convenu d'appeler aujourd'hui, l'épigénétique. En ce temps là, il y a 60 ans, on ne comprenait pas comment les gènes pouvaient coder les structures de l'organisme, et même aujourd'hui ce problème n'est pas encore totalement résolu. On tente de l'effacer en introduisant les notions de « fonctions épigénétiques » de l'ADN, destinées à expliquer les fonctions réelles, complémentaires des chromosomes, qui, indépendamment du codage des protéines, pourraient expliquer l'essentiel du fonctionnement de l'appareil génétique. On cherche pour cela dans le génome des surcodes (d'où le préfixe « épi ») et des facteurs de régulation, qui fonctionneraient sur un niveau supérieur, comme leurs supra régulateurs. De telles recherches sont justifiées mais elles ne sont encore qu'à un stade initial. Le présent travail est destiné à combler cette lacune, dans une certaine mesure. La lacune consiste en l'incompréhension du fait que dans les chromosomes, l'essentiel c'est l'aspect stratégique du codage dynamique, et en même temps relativement constant, de la structure spatio-temporelle des systèmes biologique. Ici le rôle des gènes des protéines est probablement secondaire, et les mécanismes de codage des protéines dans le cadre du modèle du code génétique de Nirenberg-Crick méritent des rectifications sensibles. En ces dix dernières années sont apparu les premiers signes de sortie du lit de Procuste que constitue le modèle du code

de Nirenberg-Crick. Ce sont des connaissances nouvelles sur les niveaux linguistiques et quantiques du fonctionnement des chromosomes, et qui vont être exposées dans la présente étude, du point de vue théorique et en tenant compte des dernières données expérimentales. Il faut pour cela revoir le modèle primitif de code protéique de Nirenberg-Crick, l'élargir et le faire sortir vers d'autres niveaux de fonctionnement, y compris les niveaux quantiques et linguistiques qui sont propres à l'appareil ribosomique de synthèse des protéines et du génome, en général [2]. Cette orientation en biologie, en génétique et en médecine s'est longuement développée comme une espèce de dissidence scientifique. Elle a reçu le nom de « Génétique Linguistique Ondulatoire » (GLO), et elle évolue progressivement vers le premier plan. Mais ici les travaux ont en priorité un caractère de secret, sauf les nôtres. Les recherches dans cette voie ont un énorme potentiel positif. Mais comme toute découverte scientifique elles peuvent être employées contre le bien de l'Humanité. Elles constituent un intérêt particulier comme une alternative aux armes nucléaires, avec une efficacité supérieure de plusieurs ordres de grandeur. En fait, on peut être tenté d'utiliser la GLO comme base de création d'une super arme quantique, génétique, ce qui est totalement inacceptable. Une utilisation normale et naturelle des principes de la GLO en médecine est également réprimée, car elle permet relativement simplement, à bon prix, rapidement et efficacement de conduire les processus biochimiques, physiologiques dans les organismes, en commençant par les virus, pour finir par l'Être Humain. Ceci n'est pas rentable pour une partie de la médecine existante. Les développements {2} dans le domaine de la GLO, sont directement liés à tous les domaines de la biologie et de la médecine, y compris au problème du vieillissement. Le problème du vieillissement est vu en GLO non comme une recherche de super antioxydants ou de quelque élixir d'immortalité, mais il se fonde sur la théorie de pilotage des programmes génétiques qui limitent la durée de vie de l'Être Humain. Mais en plus les principes de la GLO permettent de créer de nouveaux textes ADN-ARN-protéine et des hologrammes ADN, qui reprogramment dans un sens utile les génomes des zygotes et des cellules souches.

La révision théorique et expérimentale des bases du codage génétique, à la lumière de la GLO, a un caractère stratégique et idéologique, car elle est à la base de la compréhension de l'apparition et de la réalité de la Vie. Si le code génétique des protéines et ses dérivés est mal compris, ce qui devient aujourd'hui de plus en plus évident, cela devient contreproductif et dangereux. Nous voyons déjà ce à quoi cela nous a mené : à la création et la diffusion large de produits alimentaires OGM, ainsi qu'à la création des bactéries (« Synthia ») aux génomes synthétiques. Les Synthia tuent tout ce qui est vivant, dans le golf du Mexique et déjà au-delà [3]. Le début de cette catastrophe pan génétique sur la planète Terre a été engendré, aussi étrange que cela puisse paraître, par le modèle Nobélien de synthèse protéique, qui jusqu'à récemment était admis comme un dogme et comme l'unique vérité. Cela a été et cela demeure la grande erreur idéologique, et à un degré encore plus grand, une erreur d'orientation pratique de l'utilisation de ce modèle pour « le bien » de l'Humanité. Considérons ces erreurs du point de vue théorique et dans le plan expérimental.

Observons le modèle Nobélien du code génétique (protéique), qui dans son essence est inchangé à ce jour, et qui reflète, avec des additifs tactiques, le niveau de nos connaissances périmées des années 60 du siècle passé. Ce modèle a valu le prix Nobel à Marshal Nirenberg en 1968 [4]. Je cite une affirmation importante des auteurs où ils reconnaissent pratiquement l'erreur dans le modèle du code génétique qu'ils proposent, mais qu'ils veulent ignorer :

« Le poly-U (l'ARN poly-Uridine) code, fondamentalement pour de la phénylalanine. La protéine synthétisée depuis la poly-U n'est pas que de la leucine mais aussi de la phénylalanine, et pour chaque molécule de leucine on trouve de 20 à 30 molécules de phénylalanine. En cas d'absence de la phénylalanine dans la solution, poly-U utilise la leucine en quantité égale à la moitié de ce qu'elle aurait besoin en phénylalanine. Nous ne connaissons pas d'explication moléculaire à cette indétermination. »

Dans le but de décoder le code génétique et déterminer quels acides aminés et dans quel ordre la cellule les introduit dans la protéine, lors de la synthèse, on a utilisé des molécules synthétiques d'ARN, en tant que matrices de codage, avec le chiffre d'acide aminé recherché. Il avait semblé à l'époque que tous les chiffres (codes) des acides aminés, sous forme de triplet de nucléotides (codons) avaient été identifié. Il découle de la citation précédente que seul le codon UUU (uridine-uridine-uridine) constituait une exception déconcertante. Son modèle était l'acide poly-uridine. Les auteurs du modèle de code ont réagi de façon originale à ce fait fondamental, en disant que « la nature moléculaire de ce fait leur est incompréhensible ». L'essence et la pertinence du phénomène ainsi découvert de l'ambigüité du codage des acides aminés se situe loin au-delà des interactions moléculaires. Les auteurs, tout en ignorant le phénomène découvert, ont néanmoins postulé pour la thèse de l'univocité, ce qui a amené au bout de trois décennies à des conséquences désastreuses sous la forme de « l'ingénierie transgénique » et de ses aliments OGM, Synthia, etc..

En fait il n'est pas indispensable d'expérimenter pour se convaincre de la fausseté du modèle de code univoque. Il suffit de regarder la table canonisée du code et considérer que les paires 3'-5'codon-anticodon, correspondant à la wobble hypothèse de Crick, ne participent pas au codage des acides aminés. Et en conséquence les 64 codons qui chiffrent les 20 acides aminés se divisent automatiquement en en deux parties distinctes : 32 codons synonymes et 32 codons homonymes. Mais observons la table du code génétique, communément admise, et proposée par les auteurs, {3} fondée sur des expériences, y compris celles citées précédemment. Nous voyons que les triplets (codons) de la famille UU qui codent les acides aminés des protéines, phénylalanine et leucine, les codent en même temps ce qui est contraire au postulat de l'univocité du codage dans le cadre du modèle Nirenberg Crick (!). Le terme de « famille » est utilisé en réponse au fait de la non participation au codage du 3ème nucléotide des codons. Les doublets restants de codons s'unissent en familles, codant de façon univoque ou non les acides aminés. Dans le cas présent la famille UU code de façon ambiguë deux acides aminés distincts :

UUU code pour phénylalanine,
UUC code pour phénylalanine,
UUA code pour leucine,
UUG code pour leucine.

(U=uridine, C=cytosine, A=adénine, G=guanine, c'est à dire des bases azotée de l'ARNm, sur lequel se produit le décodage des triplets vers les acides aminés, lors de la lecture par le ribosome).

Autrement dit, si on croit le tableau canonique, l'ARN poly-U (semblable à l'ARNm) dans le système de synthèse protéique extracellulaire (mais également dans l'organisme) selon le dogme des auteurs, ne doit coder que pour la phénylalanine ou seulement pour la leucine. Mais ça n'est pas le cas en réalité. Ce sont deux acides aminés

qui sont codées en même temps. On se trouve dans une situation d'homonymie que l'appareil génétique doit résoudre convenablement. Comment ? Les auteurs ne l'expliquent pas car ils sont en contradiction avec eux-mêmes. Il suffit de cela pour se convaincre de la contradiction démonstrative du tableau et en conséquence, aussi du modèle de code des protéines. Souvenons-nous maintenant de la position de F. Crick selon laquelle les 3èmes nucléotides des codons ne participe pas au codage des acides aminés, qui entrent dans la composition des protéines. D'après Crick, le 3ème nucléotide est « wobbling », oscillant. C'est à dire qu'il peut être n'importe lequel parmi les quatre [5]. S'il en est ainsi, c'est que le postulat des auteurs sur le codage univoque des acides aminés par le code génétique protéique est erroné. Cela découle d'une analyse simple du tableau du code génétique : les triplets se séparent automatiquement en deux parties distinctes, où la première partie code les acides aminés sans ambigüité et avec redondance (synonymie), la seconde partie code de façon ambiguë. Mais F. Crick lui même, à la fin de sa vie avait avoué que leur modèle « n'a pas de sens évident.. » si on considère que le 3ème nucléotide des triplets participe au codage [6]. Évidemment cela ne signifie pas que le modèle soit complètement faux. Certaines de ses positions sont justes : le code est un code à triplets (les triplets de nucléotides codent pour des acides aminés) le code est superposable (le décalage de la grille de lecture des triplets donne le code d'une autre protéine), le code synonymique est régressif. Cette régressivité est visible dans le fait que le nombre de codons est de 64, alors que le nombre d'acides aminés n'est que de 20. C'est à dire que 32 codons sont synonymes ce qui se confirme par la présence des ARNt iso accepteurs. Le sens est le suivant : un acide aminé peut être codé par plusieurs codons synonymiques et il peut être lu convenablement et sans ambigüité par les anti codons de quelques ARNt iso accepteurs.

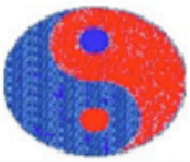
Quelle est donc la fonction de la seconde moitié, non synonymique, incomprise, des codons, au nombre de 32 ? Les pères du modèle n'ont pas de réponse à cette question, également. C'est là qu'est apparu le coté inachevé de leur modèle. C'est là que s'est révélé la propriété fondamentale du code, inaperçue, non comprise par Nirenberg et Crick : son homonymie. Cela est en contradiction avec la position canonisée, fondamentale du modèle du code, son univocité. Or, je le répète, l'expérience avec les codons UUU contredit ce canon. Ce seul codon suffit pour que le modèle du code {4} prouve son inconsistance : Le code va fonctionner, et bien réellement, mais pas comme se l'étaient représentés Nirenberg et Crick, et comme de nombreux généticiens continuent de se le représenter aujourd'hui. Dans le cas du codon UUU, l'homonymie de la moitié du code, son ambigüité devient visible. Il y a exactement 32 codons homonymiques, y compris le codon UUU. Cette contradiction dans l'article [4] cité précédemment, prive le modèle de sa force. Nirenberg et Crick n'ont pas vu le problème, ils l'ont mis de côté en disant que « la nature moléculaire de ce phénomène (lisons : homonymie) n'est pas compréhensible ». Or cela n'a rien à voir avec la nature moléculaire. On découvre dans ce phénomène d'homonymie de la moitié du code protéique quelque chose de fondamental : une similitude avec la parole humaine, des gènes des protéines, une similitude réelle et non métaphorique. On ne peut comprendre exactement un homonyme qu'en comprenant clairement la connotation du contexte où il s'inscrit. Il s'agit de l'expression de la conscience-pensée, quel que soit le niveau où cela se produit, que ce soit au niveau du cortex cérébral ou bien au niveau de la lecture de l'ARNm du génome. Nous arrivons ainsi à la justification de la similitude avec la parole du continuum ADN-ARN- protéine, dans lesquels sont inclus les même structures de parole, mais dans des langages différents. Puisque la langue génétique écrite des gènes des protéines (mais probablement aussi des gènes des petites ARN de régulation

(micro ARN)) est inconcevable sans la conscience-pensée, il nous faut admettre l'idée forte de la présence d'une quasi conscience du génome. Au niveau du génome elle possède une faible dimensionnalité fractale par rapport à la conscience–pensée de l'Être Humain, et elle se structure fractalement selon le modèle « branche-arbre » ou bien « la carte-le terrain ». C'est là, précisément que l'on voit le nœud du problème de la double dégénérescence homonymo-synonymique du code protéique, dont n'ont pas pris conscience la plupart des biologistes et philosophes. La portée théorique et pratique d'une telle double dégénérescence homonymo-synonymique du code protéique est considérable. Pour comprendre en quoi cela consiste, posons-nous encore une fois cette question naturelle : « par quel moyen le système biologique et son appareil génétique résolvent-ils le problème de l'homonymie de la moitié des triplets, c'est à dire le problème du choix précis et non ambigu de l'acide aminé, lors de la rencontre par l'appareil ribosomique de la synthèse protéique avec des codons homonymes ? » Ici le prix de l'erreur est extrêmement élevé : Il s'agit de la synthèse exacte ou erronée des protéines, dont une partie (les ferments) a une importance vitale. Il est connu qu'en même temps la synthèse des protéines est un processus exceptionnellement précis. Donc l'appareil génétique connaît la « parade » aux codons homonymes dangereux. Le premier qui comprit la menace génétique de ces homonymes a été le biologiste Ulf Lagerkvist [7], en supposant avec raison que la loi « deux parmi trois » de la lecture des codons, par le ribosome, pendant la synthèse de la protéine, pourrait amener à une catastrophe biochimique si, d'aventure, des codons ambigus venaient à être lu de travers. La loi « deux parmi trois » découle automatiquement de la wobble hypothèse de F. Crick, concernant « l'oscillation »du 3ème nucléotide dans les codons, ce qui signifie la non participation au codage des protéines 3'-5' de la paire codon-anti codon, et que ce n'est pas un triplet mais seulement un doublet qui code : les deux premiers nucléotides du codon. En ce temps là, en 1978, Lagerkvist n'a pas osé nommer ni comprendre les codons « dangereux » en tant qu'homonymes. En outre, sans aucune raison, il a considéré que de si étranges codons étaient rarement rencontrés dans la biochimie du génome, c'est pourquoi ils n'étaient pas dangereux. Cela a été et ça demeure une énorme erreur. Considérons le tableau du code génétique des protéines, où sont marqués et séparés les codons homonymes et synonymes.

Tableau du Code Génétique

K En rouge, les HOMONYMES

Cl En bleu, les SYNONYMES



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

{6} Vous pouvez constater qu'ils se répartissent selon un schéma Ying-Yang. Ça n'est pas le fait du hasard. Il s'agit d'un symbole antique signifiant l'interpénétration de deux entités opposées, leur unité et leur lutte. Et cela se conjugue étonnamment avec le travail du code des acides aminés des protéines, qui assure toutes les fonctions métaboliques des organismes vivants. Les systèmes biologiques doivent d'une part être stables, identiques à eux-mêmes, dans le plan génétique et morphologique, ils doivent conserver leur structure et leurs fonctions fondamentales sur de longues périodes de temps. Mais en même temps les organismes peuvent et doivent s'adapter aux conditions variables du milieu extérieur. C'est à cela que correspond le partage du code génétique protéique de triplets codants en synonymes et homonymes. La synonymie assure la redondance et la précision du codage des acides aminés, et l'homonymie permet la souplesse et l'adaptivité, assurée par la synthèse de formes nouvelles protéiques du nouveau plan d'exploration. Le système immunitaire est un exemple lumineux, qui produit d'immenses pools d'immunoglobulines d'essai, et assure leur sélection, ce qui garantit la protection de l'organisme contre les microorganismes pathogènes, les virus et les produits étrangers nocifs. C'est le phénomène d'homonymie d'une partie du code génétique qui est à la base de ce processus, au niveau du gène, et qui n'a pas été aperçu

ou qui a été ignoré par les auteurs du code protéique à triplets. Le phénomène de l'homonymie de l'information génétique, au niveau de la synthèse protéique, est extrêmement important dans son interprétation théorique et philosophique pour la raison suivante : L'homonymie est le facteur de sens, des sens multiples des textes écrits humains ou de la parole orale, mais aussi dans les textes génétiques. Les textes des gènes ne sont pas une métaphore, mais des textes réels dans un certain Espéranto universel. L'essentiel dans l'aspect génético-textuel c'est le fait que l'ambigüité des codons homonymes est levée exactement de la même manière que lors de la lecture par une personne, de textes ordinaires contenant des homonymes, comme par exemple le mot « boxe ». Nous comprenons un tel mot, dans sa sémantique exacte, en interprétant le contexte, c'est à dire le texte complet. Du point de vue philosophique, parallèlement aux orientations contextuelles, des principes plus vastes sont mises en œuvre : les catégories de la Partie et du Tout. La Partie ne peut être comprise et interprétée sans le Tout. Appliqué aux textes des gènes et au processus de la synthèse protéique, cela ressemble à ceci : Le ribosome lit l'ARNm, qui est la copie du gène, où il rencontre des codons homonymes. Le ribosome est tenu de comprendre justement l'homonyme et lui attribuer la signification juste, le déchiffrer en tant que l'un ou l'autre acide aminé. Ou encore l'interpréter comme un codon stop qui signale la fin de la synthèse. Le sens exact de l'homonyme nait lors de l'identification du texte de toute l'ARNm (le contexte) par le ribosome-nano-ordinateur (possédant des amorces de pensée-conscience). Ceci est la position clé de la Génétique Linguistique Ondulatoire (GLO). Ce qui est substantiellement signifiant dans cette position, c'est que nous sortons du cadre étroit de nos représentations des processus génétiques, vus comme purement physico-chimiques, mais nous comprenons que tout en étant ainsi, ils possèdent également des éléments de Conscience-Pensée. Il s'agit d'un saut vers d'autres niveaux de compréhension du génome, qui est un ordinateur biologique quantique, qui lit et comprend les gènes comme des textes. C'est un autre et grand problème que de répondre à la question « qui a créé ces programmes ? ». Nous trouvons là les brillantes recherches de V. I. Chtcherbak [8]. Ces recherches sont proches des nôtres, car elles montrent non seulement la quasi intelligence du génome, mais elles fondent la participation de l'intelligence dans la création de l'information génétique, ce qui est, par principe, stratégiquement important. En analysant les rapports quantitatifs entre la composition des nucléons des noyaux atomiques des atomes des acides aminés codés et les codons du code génétique, V. I. Chtcherbak suppose la présence d'un système d'opérations arithmétiques dans le processus de synthèse des protéines, ce qui représente également une manifestation d'une certaine quasi intelligence du génome. V. I. Chtcherbak a découvert dans le code protéique un système génétique de dénombrement et l'utilisation de la fonction zéro par ce système. C'est une particularité singulièrement importante, car le zéro est un engendrement strictement mental, et extrêmement abstrait, qui pose l'origine d'une conscience de coordonnées avec ses capacités d'évaluation des mesures quantitatives du monde extérieur. Ces évaluations sont interprétées par la conscience-dénombrement interne de l'organisme génétique. De cette façon les chiffres (en même temps que les lettres) deviennent partie intégrante du code génétique (protéique). C'est pourquoi V. I. Chtcherbak dit que le pilotage arithmétique dans la génétique linguistique et/ou textuelle {7} est une réalité.

L'une des confirmations de ceci est constitué par l'expérimentation de Edelman, qui avait utilisé des fragments d'ADN qui s'associaient rapidement par leurs extrémités « adhésives », ce qui était le facteur de base de sa technologie de « l'ADN computing » artificiel, in vitro, lors de la résolution du problème dit du « commis-voyageur » [9].

Cependant ceci n'est pas le meilleur des exemples. Car en fait l'ADN computing d'Edelman est en fait réalisé par des personnes, en procédant à un choix final parmi des milliards de variantes de « solutions » proposées par les fragments d'ADN réassociés [10]. En développant ses idées, V. I. Chtcherbak écrit : « Certaines organites de la cellule doivent fonctionner comme des bio ordinateurs, et nous devons découvrir le système des nombres avec lequel elles travaillent ». Puis : « Il semble que le code génétique soit plus fortement lié aux notions abstraites de l'arithmétique qu'à celles de la physique et de la chimie ».

Allons plus loin en développant les idées qui concernent la quasi intelligence l'appareil génétique. Le continuum chromosomique est déjà en soi un bio ordinateur [10]. Sans doute qu'il n'est pas autonome et qu'il est inclus en tant que composant dans le computing cellulaire et tissulaire, avec l'utilisation d'organites complémentaires de la cellule. V. I. Chtcherbak considère comme facteur déterminant du travail du computing numérique du génome, sa logique binaire. Et la conversion de la « conceptualisation » numérique ADN-ARN en sa forme analogique serait pour Chtcherbak, la voie secondaire et dépendante. Si cela est vrai ça ne l'est qu'en partie. La ligne stratégique des fonctions du génome c'est la manipulation à l'aide de signes holographiques et textuels. Le continuum chromosomique, en tant que bio ordinateur, n'a pas de strict besoin de n'utiliser que les équivalents des richesses (les chiffres) : il travaille directement avec les richesses elles mêmes (les signes) lorsqu'il s'agit de construire un organisme entier et pas uniquement de synthétiser des protéines. Mais la logique binaire numérique n'est pas supprimée entièrement. Elle est indispensable par exemple lors de l'enclenchement et de l'interruption des gènes à protéine et des gènes ARN, ce qui n'est pas sans importance, particulièrement pour la construction des phrases et des textes protéiques. En même temps les recherches de V. I. Chtcherbak sont fondamentales car elles ont un sens idéologique, en donnant pour la première fois une preuve univoque mathématique rigoureuse du fait que le code protéique est un système quasi intelligent et elle résulte en même temps de la valeur sémantique de l'Univers. On ne peut comprendre l'origine du code à protéines que comme un acte volontaire, et en aucun cas comme une conséquence d'une évolution darwinienne aveugle. Voici ce qu'écrit Chtcherbak à ce sujet, dans l'article cité, pour éclairer sa position: « ici sont concentrés les données, et donc des hypothèses, qui posent un arrêt de principe (je souligne ce mot) aux modèles spéculatifs de l'évolution physico-chimique du code génétique, et en conséquence de la Vie. Cet arrêt est posé par la symbolique abstraite de l'arithmétique, noyau des mathématiques, découvert dans le code. L'échec de toutes les précédentes tentatives de déclarer inconsistant les modèles physico-chimiques de l'évolution, réside dans le fait que toutes se ramènent à la manipulation de la petitesse de la probabilité de l'apparition aléatoire du système d'information de la cellule. …Paradoxalement ces tentatives laissent une piste à l'évolution physico-chimique, tout en reconnaissant que son infime probabilité existe quand même ! Selon l'avis de nombreuses personnes cela suffit pour que les milliards d'années se soient contentées pour concrétiser cette probabilité. Cela signifie qu'il devient possible de détruire cette idée de l'évolution physico-chimique si l'arrêt recherché a un caractère de principe. C'est précisément un arrêt de cette nature qu'établit la symbolique abstraite de l'arithmétique dans le code génétique. Plus simplement, aucune interaction moléculaire dans le cours de l'évolution physico-chimique, quelle que soit sa durée, n'est capable d'engendrer dans des conditions naturelles des notions abstraite du nombre et sa notation sémiotique dans le système d'énumération positionnelle, qui utilise la notion bien plus abstraite du zéro. Désormais le jeu doit continuer {8} selon d'autres règles. La nouvelle organisation du code reporte

la recherche de ses origines dans le domaine, qui selon nous, n'est accessible qu'à l'esprit. …C'est une nouvelle arme, qui n'est pas « thermonucléaire » mais une arme d'annihilation » ».

Revenons à l'analyse du phénomène de l'homonymie d'une partie du code. F. Crick avait tenté de lever les étrangetés du comportement non canonique de la paire 3'-5' codon-anticodon des nucléotides à l'aide de sa « wobble » hypothèse [5]. Elle introduit la notion d'une relation ambigüe des codons aux acides aminés, dans les protéines synthétisées, et elle suggère la possibilité d'un appariement non canonique du nucléotide 5' de l'anticodon de l'ARNt avec le nucléotide 3' du codon de l'ARNm, lors de sa traduction en la protéine, autrement dit, lors de la synthèse des protéines. La possibilité apparaîtrait parfois d'une correspondance non stricte des nucléotides entre codon et anticodons dans cette position. Cela signifie qu'il se forme des paires de bases non canoniques (Guanidine-Uridine etc.). En outre la wobble-hypothèse mais aussi le modèle du code suggèrent automatiquement que dans les codons (triplets) des gènes uniquement les deux premiers nucléotides (doublet) contribuent au codage des séquences d'acides aminés des chaines protéiques. Les 3èmes nucléotides de codon ne participent pas au codage des séquences des acides aminés dans les protéines. Ces 3$^{'}$ nucléotides, bien qu'ils soient rigoureusement déterminés par la molécule ADN, admettent des appariements arbitraires, aléatoires et non canoniques avec les 5$^{'}$ nucléotides des anticodons de l'ARNt, transportant les acides aminés. C'est pourquoi ces 5$^{'}$ nucléotides des anticodons peuvent être quelconques, parmi les 4 possibles. En conséquence les liaisons du 3$^{'}$ nucléotide dans le codon et le 5$^{'}$ nucléotide de l'anticodon n'ont pas de caractère génétique signifiant et ils jouent un rôle de « béquilles stériques », qui remplissent des « espaces vides » dans les paires codon-anticodon. Autrement dit les nucléotides 5' des anticodons sont aléatoires, ils « wobblent » (oscillent). C'est l'essence de la wobble hypothèse.

Si l'on admet l'idée des « béquilles stériques », il devient clair que les 3' nucléotides des codons homonymiques de l'ARNm ne participent pas au codage des acides aminés pour cette protéine. À première vue il y aurait là un certain arbitraire génétique-sémantique, et le modèle du code à triplets perdrait sa logique et un sens évident. Les paroles de F. Crick, l'auteur du code à triplet, que nous reproduisons depuis son autobiographie [11], le confirment : « Il importe de noter que la structure du code génétique n'a pas de sens évident, bien qu'on puisse observer certaines régularités. Dans certains cas ce sont les deux mêmes premières bases dans les codons qui codent un acide aminé, alors que la 3ème peut être quelconque ». Précisons que le 3ème nucléotide du codon peut être, théoriquement, quelconque parmi les 4 possibles, puisqu'il s'apparie avec le nucléotide 5' de l'anticodon, au hasard, et cette paire, comme nous l'avions déjà dit, ne participe pas au codage de la protéine en cours. Mais je le répète, les nucléotides 3' de codon sont déterminés par l'ADN initial, et dans ce sens ils ne transgressent pas les canons génétiques. Ce sont les nucléotides 5' des anticodons qui « transgressent », qui sont complémentaires aux nucléotides 3' des codons. Il est étrange que F. Crick ait aperçu la dégénérescence synonymique, mais n'ait pas vu la dégénérescence homonymique. Bien que sa phrase «..Le code n'a pas de sens évident. » nous dit que le génial cerveau de F. Crick reconnaissait les limites du modèle qu'il suggérait, et les ambigüités liées au 5' nucléotide « wobbulant » de l'anticodon, lorsque l'ARNm est lu codon par codon, par le ribosome dans le complexe avec l'ARNt, selon la règle « deux parmi trois ». Et ce complexe ribosome-ARNm-ARNt doit inévitablement résoudre le typique problème linguistique sémantique de l'homonymie. Faute de quoi les fautes dans la synthèse des protéines seraient inévitables.

F. Crick, dans ses mémoires [11), ne semblait pas «voir de sens dans son modèle ». Mais au même endroit il affirme : « on observe quand même certaines régularités ». Pourquoi seulement « quelques » ? Parce que cela ne fonctionne que pour la moitié des codons, {9} précisément pour les codons synonymes. C'est à dire que cela est respecté précisément pour la moitié de toutes les familles de codons, pour les familles des doublets synonymiques de nucléotides CT, GT, TC, CC, AC, GC, CG, et GG. Chacun d'entre eux code pour l'une des 20 acides aminés différents ou bien il s'agit d'un codon-stop. En outre le nucléotide 3' du codon, apparié avec le nucléotide 5' de l'anticodon, ne participent pas au codage. C'est ce qui assure la synonymie. Cependant, et c'est important, F. Crick ne dit rien de précis ni là, ni dans sa wobble hypothèse, à propos de l'autre moitié des familles des codons-doublets. Ce sont les familles TT, AT, TA, CA, AA, GA, TG et AG, où chacune code pour deux acides aminés différentes (C'est une transgression du postulat erroné de l'univocité du codage) ou une fonction stop. En outre le rôle de la paire 3'-5' codon-anticodon n'a été commenté en aucune façon par F. Crick. On peut supposer que F. Crick était troublé par l'ambigüité du codage de ces familles étranges, ce qui l'aurait incité à évoquer l'absence de sens du modèle que lui et Nirenberg proposaient. Il ne dit nulle part ce qui se passe au-delà des limites de ces « quelques cas » synonymiques. Or il y a au-delà de ces limites « l'étrange famille floue» des codons TT, AT, TA, CA, AA, GA, TG et AG. On ne trouve rien dans les travaux de F. Crick à ce sujet.

Ainsi F. Crick a posé implicitement la question du codage dans la « famille floue », mais sans y répondre. Il n'y a rien non plus au sujet de cette position de principe dans les recherches actuelles. La réponse se trouve dans la présente hypothèse et dans [2, 12] à propos des orientations par le contexte de l'appareil génétique (le bio ordinateur quantique) lors de son travail avec les famille floues (homonymiques).

« Deux parmi trois » comme signe d'une quasi conscience du génome

Posons quelques questions :

« Wobbling » est-ce synonyme d'aléatoire ? Le « wobbling » serait-il lui même aléatoire ? Il apparaît que le « wobbling » est un pseudo aléa. Posons l'origine de l'importance fondamentale du phénomène « apparemment » aléatoire de l'existence du nucléotide 5' d'anticodon, dans les situations homonymiques, lors de la synthèse de la protéine par le ribosome. La liasse 3'-5' des nucléotides des codons-anticodons en situation d'homonymie semble être « volontairement » un élément de la technique de « lecture » de l'ARNm, orientée par gène-signe. La cause de cela tient au fait le code protéique est également, en plus du reste, une structure mentale, fonctionnant avec des textes ARNm, des textes non métaphoriques (c'est pourquoi nous supprimons de guillemets autour des mots *Texte Génétique*), mais des textes-pensées bien réels, des textes-commandes. L'aléa « supposé » que nous considérons, est indispensable. Il donne de la souplesse au code, qui permet aux systèmes biologiques de réaliser une recherche adaptative et exploratoire protéique dans le cours de la sélection naturelle et de synthétiser des protéines d'essai, en s'adaptant aux conditions fluctuantes du milieu extérieur. Voilà pourquoi cet aléa apparent est indispensable. Le code génétique est généreux, riche et redondant par sa synonymie. Mais simultanément, par l'homonymie,

il s'entrelace dans les aires signifiantes du codage génétique au niveau du texte de l'ARNm et peut être du pré-ARNm.

Nous avons ainsi deux vecteurs de dégénérescence du code protéique : le synonymique et l'homonymique. Le premier assure la surabondance de l'information pour le choix des acides aminés. Le second nous sort des situations ambigües lors du choix, lorsque l'organisme doit s'adapter au milieu extérieur, à l'aide d'acides aminés d'essai et donc des protéines. Et cela se détermine grâce à l'attribut fondamental de l'information génétique, de sa réelle textualité, de sa linguistique, autrement dit des sens. Si les organismes étaient guidés automatiquement par le modèle du code dans {10} les limites canoniques de F. Crick et Nirenberg, et s'y conformaient sans aucune correction, alors la Vie sur Terre serait impossible. Or de ce point de vue tout est calme. La synthèse des protéines est un processus suffisamment exacte, précisément parce qu'il utilise des procédés propres à la linguistique et à la logique, c'est à dire à la conscience. L'appareil ribosomique et le génome dans son ensemble sont un système quasi intelligent, qui lit le texte ARNm par triplets (localement, par parties) mais aussi dans son ensemble, en continu, en non local. C'est précisément la non localité de la lecture, la prise de conscience par le génome du sens de ce qui est lu, supprime le problème d'homonymie des codons. De quelle manière cela se passe-t-il ?

Adressons-nous encore une fois à l'article partiellement oublié et sous évalué de Lagerkvist, et non pour critiquer encore et toujours le modèle à triplets du code protéique. Ce modèle a joué son rôle, non négligeable, dans le développement de la génétique et de la biologie dans son ensemble. Le but est différent : Il s'agit de comprendre le code protéique comme un système dual de signes, qui opère d'un coté sur la base d'une chimie physique aveugle, et simultanément, de l'autre coté, à l'aide des textes ADN et ARN porteurs de sens, et des fonctions quasi mentales du génome. Avec cela, le code à triplets n'est que l'un des nombreux sous systèmes de codage et de création de l'image du futur organisme, et c'est le sous système de rang le plus bas. La non compréhension de cela freine le développement de la pensée biologique et conduit à des programmes de recherche insensés et onéreux. Lagerkvist fut le premier à dénoncer les contradictions du modèle à triplets du code protéique, mais sans en comprendre les causes [7]. Il avait tenté de sortir le modèle du code de l'impasse logique, mais sans résultat. Il ne pouvait rien mettre en face de ce qui était évident et potentiellement dangereux, que la règle « deux parmi trois » se réalise aussi bien in vivo, pour la machine à traduire ribosomique, « avec une fréquence qu'on ne peut ignorer ». Plus loin Lagerkvist écrit : « Si c'est bien ainsi, alors la cellule pourrait aussi bien lire de travers, avec une certaine probabilité, et cela constituerait la menace d'une erreur de traduction si la méthode « deux parmi trois » venait à être utilisé de façon inappropriée. Cela entraine des erreurs dans la synthèse protéique, dans n'importe quelle famille de codons ». Cependant Lagerkvist n'a pas compris le sens de «..être utilisé de façon inappropriée » de la règle « deux parmi trois ». Pour lui cela est resté une question sans réponse. Et pourquoi dit-il « dans n'importe quelle famille de codons » ? Ce n'est pas n'importe quelle famille mais seulement dans les familles homonymiques, et en aucun cas dans les synonymiques. Cela aussi n'a pas été compris par Lagerkvist. Mais il perçoit quand même la contradiction du modèle du code, mais il l'efface illusoirement ainsi : « ..Les emplacements du code ADN (et dans l'ARNm (P. G.)) où la règle de lecture « deux parmi trois » peut induire des erreurs de traduction, sont occupés par des codons à faible probabilité d'occurrence. Une telle organisation du code et la concurrence entre l'ARNt et les anticodons, capables de lire les trois positions (des nucléotides) des codons, neutralise efficacement la règle « deux parmi trois » dans son utilisation pouvant

perturber la traduction ». Ce passage ne correspond pas du tout à la situation réelle, puisque 50% des codons sont homonymiques. On ne peut considérer comme faiblement occurrent 50% des codons. Mais même des codons homonymiques à faible occurrence qui sont mal interprétés vont donner des erreurs dans la synthèse protéique, ce qui est inacceptable pour l'organisme. Même un seul codon, par exemple le codon UUU immédiatement découvert, est capable de semer le chaos dans la synthèse des protéines. En un mot, les contradictions logiques du modèle, visibles à l'œil nu, sont simplement ignorées. Un fait bien connu et faussement tranquillisant du ribosome qui ne se trompe jamais dans le choix des acides aminés, contribue à cette occultation. Tout ceci a conduit à la tentation de considérer comme correcte, le modèle à triplets du code protéique. Cependant les lacunes béantes du modèle « canonique » du code sont bien trop énormes et trop évidentes lors d'une analyse objective.

Il nous faut une idée clé pour sortir de l'impasse homonymique : Nous adresser à la linguistique pour y puiser la notion de contexte, qui lève ce problème. L'homonyme perd son ambigüité seulement dans son contexte. C'est à dire le rôle de la partie devient claire lorsqu'on le considère dans le cadre {11} de l'ensemble. Dans ce sens la notion de contexte (du véritable texte) de l'ARNm n'est pas du tout métaphorique. Les généticiens et les biologistes moléculaires le reconnaissent, mais discrètement, petit à petit, en utilisant l'idée du « second code génétique » [13]. Citons pour cela L. P. Ovtchinnikov, un des biologistes moléculaires en vue :

« Le codon initial n'est reconnu que dans un contexte particulier. Si nous nous demandons s'il nous serait possible d'écrire la séquence des acides aminés de la protéine codée par un ARNm, en disposant de la séquences des nucléotides d'un ARNm quelconque, de la table du code génétique, tout en sachant que la traduction de l'ARNm se propage de l'extrémité 5' vers la 3', alors que la chainette protéique croit de la terminaison N vers l'extrémité C, nous serions contraint de répondre par la négative. …Il est impossible de déterminer la position de l'ARNm à partir de laquelle nous devons commencer la traduction de la séquence des nucléotides vers la séquence des acides aminés. Il y a bien longtemps déjà qu'il est devenu évident que le début de la traduction ne coïncidait pas avec le début de l'ARNm. Les ARNm à poly cistrons bactériens en témoignent, dans lesquels le départ de la synthèse protéique se trouve dans chaque cistron, mais aussi en présence dans l'ARNm, de séquences non traduisibles de terminaisons 5' de pro et d'eucaryotes. En même temps il est établi que la synthèse de la protéine, chez les procaryotes et les eucaryotes, commence toujours par le même acide aminé : la méthionine. On aurait pu supposer que la traduction de l'information codée dans l'ARNm commençait par le premier codon méthionine, à partir de l'extrémité 5', qui est le triplet AUG. En effet il en est ainsi pour de nombreux ARNm d'eucaryote mono cistron, bien qu'il y ait des exceptions. Mais ça n'est pas du tout ainsi pour les ARNm poly cistrons des bactéries, où l'initiation commence sur des triplets AUG, décalé très loin du début de l'ARNm. Ces triplets peuvent être précédés de nombreux autres triplets AUG sur lesquels il ne se produit pas d'initiation de synthèse. Il s'est avéré en outre que parfois la première méthionine de la protéine s'insère non pas depuis un codon méthionine AUG, mais depuis un codon GUG, qui correspond à l'acide aminé valine selon le tableau des codes protéiques. Il peut arriver que l'initiation par la méthionine puisse se produire sur d'autres codons : AUA et AUU (des codons d'isoleucine), UUG et CUG (codons de leucine). Il est devenu évident que la reconnaissance d'un codon comme initiateur de synthèse n'est pas tant la nature du codon lui-même, mais plutôt un certain contexte qui en fait un codon initiateur. Chez les eucaryotes l'initiation commence le plus souvent sur le premier AUG, mais seulement si cet AUG se trouve dans un contexte

optimal : Il doit se trouver une purine (A ou G) à deux codons avant lui et juste après lui doit se trouver G. Si le premier AUG de l'ARNm d'eucaryote ne se trouve pas dans un contexte favorable, il est ignoré, et l'initiation commence depuis l'AUG suivant. Une telle initiation nécessite en outre la présence d'une kep-structure sur la terminaison 5' de l'ARNm, mais aussi des structures poly (A) à l'extrémité opposée de la molécule. La kep-structure et la séquence poly (A) sont reconnues par des protéines spécifiques qui sont également indispensables pour activer l'initiation. Un tel procédé d'initiation de la traduction des eucaryotes implique un balayage de la séquence ARNm depuis son commencement (depuis sa kep-structure) pout trouver le codon AUG, dans son contexte optimal. Une telle forme d'initiation est appelée « kep dépendante » pour sa forme de balayage. On a montré assez récemment que l'acide aminé sélénocistéine (très rare, mais extrêmement importante) s'insère directement dans la protéine. Une question justifié vient à l'esprit : « comment cet acide aminé est-il codé. Puisque le sens de chacune des 64 codons possibles est strictement déterminé, et ils sont tous utilisés dans le codage des 20 acides aminés standard et des signaux stop. Les recherches ont montré que la sélénocystéine était codée par UGA (le dernier codon {11} dans la table du code) s'il est suivi par une séquence particulière stimulante. Cette séquence peut être constituée par un UGA implanté à une longue distance, parfois jusqu'à 200 nucléotides, et se trouver dans la terminaison 3', non traduisible de l'ARNm ».

Cette longue mais particulièrement importante citation nous montre que la biologie moléculaire classique, incarnée par l'académicien L. P. Ovtchinnikov est obligée de prendre une position qui estompe les difficultés du modèle du code, l'idée du contexte des situations des codons homonymiques, empruntée à P. P. Garaïev (bien que sans y faire référence [12]), et à la linguistique. Mais cela est fait exclusivement dans un sens métaphorique. Et une seconde position est introduite : celle de l'influence à distance de certaine blocs ARNm (kep, poly (A), séquences stimulantes) sur l'emplacement de l'initiation, très éloigné, sur l'ARNm où le ribosome va commencer l'inclusion du premier acide aminé dans la séquence de la protéine en cours de création. Il a également été nécessaire d'inclure l'idée complémentaire du « balayage, scanning » de tout l'ARN, c'est à dire du contexte ARN. Tous ces facteurs explicatifs ont été prévus précédemment par P. P. Garaïev. Y compris le mécanisme de balayage des poly nucléotides à l'aide des excitations à solitons de l'ADN et de l'ARN [12]. Remarquons également un point important : le transcodage des codons en fonction du contexte, ce qui ne colle pas d'avantage avec le guêpier du modèle canonique à triplets.

Citons encore L. P. Ovtchinnikov : « Certains ARNm contiennent des signaux de changement de grille de lecture. Certains ARNm contiennent dans leur zone de traduction, des codons terminaux, mais ces codons sont sautés avec succès, grâce à la modification de la grille de lecture à leur approche ou exactement sur eux. La grille peut se décaler de (+1), (-1) et (+2). Il existe des signaux spéciaux de l'ARNm qui modifient la grille de lecture. Ainsi le décalage (-1) de l'ARN du rétrovirus se produit sur une séquence heptanucléotidique, précédant la structure en épingle à cheveux dans l'ARNm. Le décalage de la grille de (+1) sur l'ARNm du facteur bactérien de la terminaison RF-2 implique la présence simultanée de la séquence de nucléotides au point du décalage (codon UGA), le codon subséquent, mais aussi une séquence complémentaire à la terminaison 3' de l'ARN de ribosome (analogue de la séquence Shaïn-Dalgarno) ».

Il est clair que de tels décalages de grille de lecture de l'ARNm ne peuvent s'expliquer par la simple chimie physique, pas plus que les influences contextuelles à distance et les « redéfinitions » des codons. Ce sont déjà d'autres dimensions sémiotiques du génome, le passage vers ses opérations logiques en tant qu'ordinateur

biologique [14], et la logique mathématique par l'utilisation d'opération purement mentales, transcendantes, avec l'utilisation de la notion abstraite du zéro [8]. C'est déjà là une nouvelle biologie, une nouvelle génétique. Il est typique (je cite Ovtchinnikov [13]) : « ..que la lecture de l'ARNm dans les limites d'un cistron n'est pas toujours un processus ininterrompu. On avait considéré initialement que la séquence des nucléotides de l'ARNm était toujours lue en continu, du codon initial jusqu'au codon terminal. Or il s'est avéré que lors de la traduction de l'ARNm du gène 60 du phage T4, une séquence d'une longueur non négligeable, peut être ignorée. Dans ce cas le ribosome procède à une espèce de saut le long de l'ARNm, depuis un codon GGA de glycine, qui se trouve devant le codon terminal UAG, jusqu'à un autre codon GGA de glycine, qui se situe à 50 nucléotides du premier. Le mécanisme de ce phénomène n'est pas très clair ». Et c'est là un des nombreux exemples du travail du génome, qui ne s'accorde pas avec les canons du dogme. Effectivement ces « soi-disant » sauts du ribosome doivent résulter d'une lecture réelle, et non métaphorique, et d'une compréhension du sens de l'ARNm. Il n'y a plus de place ici pour l'allégorie ou la métaphore. Toutes ces déviations depuis les canons du modèle à triplet ont été définies par L. P. Ovtchinnikov comme « le second code génétique » [13]. De quel code s'agit-il ? Quels sont les mécanismes qui fondent sa base ? Il faut supposer que le mécanisme clé ce sont les potentiels linguistiques de l'ADN et de l'ARN, qui sont en fait des structures mentales réelles. Ce n'est que sous cette forme directe que nous pouvons {13} comprendre le sens véritable des exemples énumérés de prétendues « transgressions » aux lois de traduction de l'information génétique des textes ARNm. Le désir de trouver d'autres codes a déjà conduit les généticiens à la supposition de l'existence de près d'une dizaine de codes dans le génome. Edouard Trifonov en parle bien, et avec sarcasme :
[http://trvscience.ru/2012/01/17/stolpotvorenie-vtorykh-geneticheskikh-kodov/
].

La bousculade des seconds codes témoigne plutôt du désarroi face aux difficultés du codage chromosomique, alors qu'on n'a pas encore fini de bien comprendre le fonctionnement du premier code que nous étudions ici. Faisons un bilan intermédiaire par rapport aux découvertes de phénomènes fondamentaux, dans le cadre du premier modèle du code génétique de Nirenberg-Crick , phénomènes que la science officielle est contrainte de constater, sans comprendre les essences ni leur destination :

a/ L'influence contextuelle de séquences éloignées de l'ARNm sur l'interprétation exacte des codons lus par le ribosome et sur leurs transpositions

b/ Un balayage non local de grandes longueurs de l'ARNm.

c/ Des décalages sémiotiques des grilles de lecture de l'ARNm.

e/ Des « sauts » de grande longueur du ribosome le long de l'ARNm.

Essayons de comprendre ce qui se passe dans des situations concrètes, y compris homonymiques, avec les doublets codants (la règle « deux parmi trois » de Lagerkvist).

Ayant admis la thèse de la quasi intelligence du génome, nous sommes obligés de traiter les homonymes génétiques exactement de la même façon que cela se fait en linguistique. À savoir : la charge informationnelle de l'homonyme se révèle seulement à la lecture et après compréhension de l'ensemble du texte (ou d'une partie suffisamment grande de celui-ci), c'est à dire du contexte, indépendamment du fait que ce soit un texte humain ou génétique. Par exemple nous ne pouvons comprendre le sens des homonymes *tronc* ou *flèche* hors de la phrase ou de la proposition entière. De même le système traducteur du ribosome, quasi intelligent, doit lire et comprendre la totalité du texte ARNm, ou une grande part de celui-ci, pour pouvoir sur cette base prendre une

décision précise pour le choix entre deux sens (du code crypté) des codons homonymes. Ou bien prendre la décision d'un « saut » du ribosome sur une distance strictement définie le long de la séquence ARNm. Ceci concerne également les situations de transcodage des triplets. Dans ce cas il est probable que la notion de contexte couvre une aire bien plus grande, qui dépasse la linguistique. Par exemple lors d'une carence d'acides aminés ou lors d'un choc thermique. Dans ce cas le système biologique tient compte des situations critiques de nature écologique et bio chimique, nécessitant une adaptation immédiate, ou différée, évolutive dans le temps, suivie d'une absorbtion nouvelle d'acides aminés, identifiés par le contexte, et la synthèse de nouvelles protéines d'essai. En général l'attitude des biochimistes et des généticiens envers la synthèse biologique des protéines devrait sensiblement évoluer. On ne peut plus considérer ce processus comme des actes physico chimiques de l'interaction ADN-ARN-enzymes-protéines de ribosome-acides aminés-et d'autres métabolites. Nous avons là un des innombrables exemples de l'intelligence à diverses échelles, de l'organisme dans sa totalité et de ses parties : des tissus, des cellules et du génome dans son ensemble. Historiquement il est entré dans les habitudes d'utiliser la terminologie linguistique par rapport au code protéique, et ce depuis longtemps et partout. À savoir, à partir du moment où au début des années 60 du siècle passé, lorsque F. Crick et M. Nirenberg ont commencé à désigner la molécule ADN comme un texte. C'était une anticipation géniale, mais F. Crick et une majorité de chercheurs utilisant ce procédé continuent de comprendre la textualité de l'ADN, de l'ARN et des protéines comme une métaphore, en empruntant à la linguistique son essence mentale. Il faudrait que les « généticiens classiques » admettent pour un instant que ces termes ne sont pas une métaphore pour l'appareil génétique. Il devient alors possible {13} d'admettre fermement que le système de synthèse des protéines et le génome possèdent une faible part de conscience et de pensée, ou de leur analogue sous forme du bio computing [12, 14]. La Nature réunit dans sa coupe intelligente les actes physico-chimiques et quantiques réels, dans un réseau hyper complexe métabolique de la synthèse protéique. Et la crainte des généticiens envers cela est incompréhensible.

Cependant l'idée du bio computing du génome, in vivo, ça n'est également qu'un modèle, mais un modèle nettement plus évolué, comparé à la compréhension de la synthèse protéique comme résultat de la chimie ou de la bio chimie. Le génome est intelligent, à sa manière et à son échelle. Une telle perception remonte à Aristote, à son postulat d'entéléchie [http://www.bibliotekar.ru/brokgauz-efron-ch/166.htm] puis au biologiste Drich [http://vikent.ru/author/2259/]. La génétique classique n'est pas prête pour ce revirement, à ce jour, plutôt pour ce retour, mais à un autre niveau, à la formule « causa finales ». Elle freine la pensée des biologistes. C'est contreproductif. C'est la stagnation, et nous en observons les effets : La génétique traditionnelle et à sa suite la médecine, ne peuvent et ne le pourront résoudre le problème du cancer, du SIDA et de la tuberculose, ni celui du prolongement de la vie humaine, etc.. Mais il y a une issue. C'est le transfert vers d'autres modèles du génome, bio sémiotiques et épigénétiques. Ce qui constitue l'objet de la présente étude. Ici bien des choses ont déjà été réalisées : L'aspect bio sémiotique de la génétique a été brillamment présenté dans les travaux de Sedov et Tchébanov, ainsi que par des chercheurs étrangers [http://www.zanoza.lv/blog/gordon/430]. Ils voient dans le génome non seulement sa textualité mais aussi des lignes conductrices esthétiques : « en de nombreux secteur de l'ADN sont exprimés des refrains, « des thèmes avec des variations », des répétitions de sens et de rythme, rappelant des homonymes, des rimes poétiques et des thèmes musicaux ».

À propos des thèmes musicaux de l'ADN et des protéines. En Occident la production et le commerce de la musique ADN et protéique est en vogue. Les séquences de nucléotides de l'ADN et des acides aminés des protéines sont représentées par des notes musicales, selon certains algorithmes. Cela crée des sons non chaotiques, assez harmonieux, musicaux. On essai d'utiliser ces sons à des fins thérapeutiques. N'importe quel browser vous donnera quantités de liens en réponse à une recherche sur « DNA music » ou Protein music ». Autrement dit, les affairistes exploitent de façon irresponsable et sans circonspection la compréhension embryonnaire des structures ondulatoires, y compris les fonctions musicales et sémiotiques du génome, en ignorant la génétique officielle.. Ceci est suffisamment dangereux car l'écoute d'une telle « musique » est incontrôlable, et sans la connaissance des conséquences elle introduit dans notre « chaudron métabolique de l'ADN et des protéines » des vecteurs ondulatoire à l'action peu connue.

Il est possible de voir une certaine intelligence du génome, particulièrement dans le domaine qui est considéré comme le polygone du pur hasard, où règne le chaos, la stochastique, c'est le domaine des processus naturels des mutations. Au début, avant la découverte de l'ADN, le processus chaotique des mutations semblait être à l'origine de l'évolution, et il s'appelait la variabilité indéterminée des caractères des organismes, et selon Darwin, il représentait le « matériel cru » pour l'évolution. Il n'est pas inutile de rappeler que Darwin lui-même, vers la fin de sa vie, avait compris que la variabilité aléatoire comme seule cause de l'évolution, n'est qu'une fiction. Si des constructions strictement mentales comme le texte, la lecture, la reconnaissance, la décision, la logique mathématique, etc.. sont présentes dans le code protéique et y sont utilisées, dès lors c'est le fondement pour l'acceptation de la position philosophique, qui affirme que le génome et le code protéique sont créés par la pensée, et le génome lui-même est intelligent. Les processus stochastiques dans le fonctionnement de l'ADN des chromosomes sont optimisés. Il est probable qu'il existe un compromis entre stochastique et le déterminisme. La stochastique des mutations dans le génome est connue depuis longtemps et elle est largement étudiée. Les mutations aléatoires de l'ADN sont principalement nocives, si elles touchent aux protéines et aux séquences codantes (euchromatine). Ou bien elles sont neutres ou elles se produisent dans le soi-disant ADN non codant (hétérochromatine).

Mais ce qui est surprenant ce sont les mutations contrôlées par la cellule, dans leur l'aspect sémiotique, {15} elles s'avèrent utiles et elles apportent une dotation dans l'évolution non darwinienne.

Il est difficile de déclarer aléatoires, des mutations spécialement sélectionnées et utilisée par le système biologique. Ces mutations, qui ne sont pas forcément le résultat de la sélection naturelle de longue durée, peuvent être utilisées rapidement, dans le cadre d'un seul cycle de vie du système biologique. Leur combinatoire est fixée spécialement par l'organisme. Ceci est visible dans les résultats de recherches immunologiques, cela se voit sur les séquences d'acides aminés des anticorps, que les lymphocytes B sélectionnent intelligemment et préventivement. On les appelle les séquences ou les graphes de Vu-Kebota [15]. Cette variabilité des séquences des acides aminés résulte de l'hyper variabilité des gènes V-D-J des régions d'immunoglobulines d'anticorps qui agglutinent les antigènes. On peut supposer que cette hyper variabilité des mutations soit imposée spécialement (intelligemment) par le génome, préalablement, pour la « reconnaissance » des antigènes, au niveau cellulaire. La cellule et son génome vont commencer par scanner l'antigène, par un moyen encore inconnu, puis ils « prennent la décision » du choix des mutations des gènes V-D-J pour une

sélection dirigée des acides aminés à coder, constituant les séquences Vu-Kebota [16]. Le comportement des gènes V-D-J est en contradiction avec le dogme néo Darwinien qui prétend que l'entière variabilité des gènes de la ligne embryonnaire préexiste jusqu'à ce que commence le choix. Mais admettons que lors du travail des gènes V-D-J il n'y ait pas de « solution » immédiate et précise du choix des acides aminés (il n'y a pas de déterminisme total) mais il n'y a pas non plus de stochastique absolue, puisque les mutations sont contrôlées (imposées) par l'organisme lui-même. Autrement dit, il existe les liens directs et inverses entre les jeux d'essai des mutations et la structure de l'antigène et les structures des régions d'immunoglobulines d'anticorps qui agglutinent les antigènes. Ici le hasard et la règle sont en équilibre.

Le code des protéines est créé par l'Intelligence. Nous allons, à la suite de Spinoza et de Nalimov, admettre que L'Univers est la cause de Lui-même (causa sui) et qu'il est linguistique, c'est à dire intelligent [17, 18]. Alors les cellules compétentes pour l'immunité et leur génome utilisent le hasard de façon ciblée, pour créer les textes génétiques, avec une sémantique déterminée, qui leurs sont indispensables.

Naturellement cette intelligence du génome agit dans le cadre étroit des problèmes de la réponse immunitaire, et son échelle n'est pas comparable à celle de l'intelligence du cerveau. Dans ce cas c'est le principe général de la fractalité des systèmes biologiques qui est mis en œuvre, qui inclue les intelligences des niveaux des cellules, des tissus et des organes. Nous voyons une répétition non linéaire, fractale de toujours le même phenomène : l'intelligence, la conscience, la pensée dans des dimmensionnaliés d'échelles distinctes, selon le niveau d'organisation du système biologique considéré. Ce faisant on peut comprendre l'intelligence, la conscience et la pensée comme le moyen de représentation de l'environnement par le système biologique, pour le pilotage de cet environnement dans un but d'auto conservation, de survie et du développement du système biologique. L'une des formes de ce développement est constituée des représentations de la parole (le cerveau) et de la quasi parole (le génome).

Alors il nous vient l'idée, dans l'esprit du panthéisme, que l'appareil génétique, tout comme les autres organismes, résulterait de l'œuvre d'un Créateur (La Nature). De ce fait tout est intelligent dans les organismes. On aurait pu se calmer là dessus. Mais c'est une extrémité : Nous avons une réponse pour Tout, mais en même temps nous n'avons rien de concret. C'est la « malette noire » de l'Univers. À son entrée on trouve toutes les questions possibles, et à la sortie on n'a qu'une réponse unique, générale, apparemment exacte. Ça n'est pas une voie. Il nous faut un travail réel utilisant la représentation nouvelle du travail des chromosomes, basée sur les principes de la Génétique Linguistique, Ondulatoire (GLO). Il y a déjà des résultats significatifs qu'il est possible de consulter sur notre site www.wavegenetics.org. Par exemple on a réalisé la régénération de la macula avec réhabilitation de la vue, nous avons obtenu le rajeunissement réel de peronnes agées, la réparation de lésions de la moelle épinière et d'AVC, avec réhabilitation de la fonctionnalité, Tout ceci est obtenu par la voie royale de la programmation de cellules souches, basée sur une compréhension différente du fonctionnement de l'appareil génétique. Il y a aussi d'autres {15} perspectives qui s'étendent loin au-delà des limites de la médecine. C'est la création de bio ordinateurs quantiques, fonctionnant sur les principes de la quasi intelligence des chromosomes. C'est la création d'un bio internet. C'est le développement des principes de télécommunication lointaine, spatiale, etc. Tous ces résultats et ces possibilités sont la conséquence de non seulement (ou pas tellement) de la textualité de l'information génétique que de sa réalité quantique, ondulatoire. Ces attributs quantiques de l'appareil génétique des systèmes biologiques sont une propriété permettant à celui-ci

d'agir par les équivalents ondulatoires (les fantômes) de l'ADN et de l'ARN, en tant que système supérieur d'information du génome, comme ordinateur biologique.

Nouveaux types de mémoire des acides nucléiques—nouveau vecteur de codage

Les fantômes ADN et ARN.

Le phénomène de la formation des fantômes ADN est découvert par P. P. Garaïev en 1984, à l'Institut des Problèmes Physico-Mathématiques de l'Académie des Sciences de l'URSS [19, 20]. Il y a tout un chapitre à ce sujet dans la monographie « Le génome ondulatoire » [20]. Le phénomène consiste essentiellement en ce que lorsqu'on déplace mécaniquement une préparation d'ADN, dans la nacelle sous le faisceau laser, il reste une trace de la préparation en son lieu de stationnement précédent, qui peut être révélée à l'aide de la spectroscopie de corrélation laser, qui enregistre la diffusion lumineuse des molécules ADN mais aussi celle sur les lieux de la présence antérieure de l'ADN : sur les fantômes ADN. Ces traces-fantômes sont stables malgré une ventilation à l'azote [20]. Dans ce cas les fantômes ADN disparaissent, pour réapparaitre au bout de 5 à 7 minutes. Ces fantômes « vivent » prés de 40 jours, puis ils ne sont plus détectés par l'appareillage. Le groupe de P. Pecora de l'Université de Stanford, a découvert un phénomène analogue, par la même méthode, dans des solutions de fragments restreints d'ADN. La diffusion de telles préparations ADN diffère de celle attendue, d'après la description physico-mathématique. Cette anomalie avait été constatée mais n'était pas interprétée, et on l'a appelé « the mimicking dust effect » (effet imitant la poussière) [21]. Dans ces expériences, lorsqu'elle était balayée par un faisceau laser, la solution qui ne contenait que des fragments courts d'ADN, sans aucun autre additif, se comportait comme si elle contenait des particules semblables à la poussière.

C'est cette imitation d'un additif poussière (qui était absent en fait) qui a troublé les auteurs, qui ne trouvaient pas d'explication à cette anomalie. Il est probable que l'explication de ce cas est la même que pour notre expérience : Lors du mouvement brownien des particules ADN, elles laissent des traces-fantômes, qui apporte un complément lumineux anormal à la diffusion lumineuse. Quelque chose d'analogue existe également pour l'ARN : Un groupe de l'Institut Max Planck, sous la direction du prix Nobel M. Eigen, et d'autre chercheurs l'ont confirmé, a montré que le ferment Qb-réplicase (une ARN polymérase ARN dépendante) est capable de synthétiser des courtes molécules d'ARN de 100 à 300 nucléotides (6S ARN) sans la matrice ARN [22]. Selon la biologie moléculaire ceci est impossible par principe. Un contrôle minutieux pour une pollution par des ARN indésirables a montré leur absence totale. Il est remarquable que la synthèse anormale ne commence pas immédiatement, comme lorsqu'on utilise des matrice ARN, mais au bout d'un délais d'environ 8 heures. Il est probable que dans ce cas également il se forme des fantômes d'ARN. Il n'y a pas eu d'explication donnée pour ce phénomène. Quel peut bien être leur rôle biologique, si celui-ci existe ? Il n'est peut être pas raisonnable de considérer les fantômes ADN et ARN comme des effets secondaires. Il y a des témoignages expérimentaux directs des puissantes fonctions de régulation des fantômes ADN. Et en voici un exemple. Si une préparation d'ADN natif est placée dans le spectromètre et subit un traitement thermique à 90° C, c'est à dire qu'elle est dénaturée,

et elle produit son comportement anormal. Si on la refroidit progressivement jusqu'à 20° C, alors les fantômes de l'ADN forcent une autre préparation ADN native, semblable, {17} placée dans le même spectromètre refroidi, à se comporter comme si celle-ci avait subi une dénaturation [20]. Il est compliqué de travailler avec des fantômes d'ADN naturel à cause de leur polymorphisme et de leur imprévisibilité. Nous avons trouvé des technologies laser de génération de fantômes ADN, accompagnant le rayonnement secondaire d'un laser spécial Hélium-Néon qui balayait les préparations ADN [23, 24, 25]. Nous avons appelé ce rayonnement secondaire, le « RELSM », pour Rayonnement Électromagnétique à Large Spectre, Modulé. Les fantômes ADN produits par RELSM se sont révélés capables de transporter l'information morphogénétique active sur de longues distances. Grâce à cela nous avons réussi, en 2000 à Moscou, puis en 2001 à Toronto, enfin en 2007 à Nijni Novgorod, la régénération du pancréas de rats, artificiellement détruit par l'alloxane (diabète alloxane) [26, 27]. Ceci a été confirmé par un groupe de chercheurs indépendants [28]. En 2010 le groupe du prix Nobel français, Luc Montagnier a réussi la génération et la transmission à distance de fantômes ADN, mais ils ont utilisé une autre méthode de génération des fantômes

[http://arxiv.org/pdf/1012.5166.pdf] : Ils lisaient une certaine information électromagnétique depuis un court fragment d'ADN, puis ils transmettaient cette information dans de l'eau pure. Dans cette eau était réalisé la réaction biochimique de réplication, la multiplication des courts fragments initiaux d'ADN, ce qu'on appelle la Polymérase Chain Reaction (PCR). Pendant cette réaction les segments d'ADN étaient synthétisés depuis les nucléosides triphosphates, sans la présence d'une matrice ADN matérielle. La synthèse PCR se déroulait à partir du fantôme électromagnétique, tout comme dans le cas de la Qb-réplicase, qui travaillait sans la présence de la matrice ADN matérielle. Le détail de la méthode de révélation des fantômes matérialisés d'ADN n'a pas été précisé par les auteurs, et personne n'a reproduit l'expérience. Nous avons proposé notre technologie RELSM de production de fantômes ADN et leur utilisation sans la synthèse PCR avec matrice ADN [29]. Notre technologie (le procédé) de production de RELSM de l'ADN et l'utilisation du RELSM d'ADN pour la synthèse ADN par PCR, sont en cours de brevetage. Jusqu'à présent, nous ne comprenons pas entièrement, du point de vue physique, ce que représentent les fantômes du groupe Montagnier et nos fantômes ADN produits par RELSM. Néanmoins nous avons réalisé une analyse physico-mathématique primaire de la nature de l'apparition des fantômes ADN et de leurs fonctions génétiques [30]. Il est probable que les fantômes ADN et ARN constituent l'une des formes nouvelles des potentiels épigénétiques des chromosomes, Il est possible que ce soit le contenu de base de l'information génétique. Cependant l'activité biologique (génétique) des fantômes ADN dû au RELSM ne soulève aucun doute. Elle a été démontré par nos expériences et par des chercheurs indépendants [26, 28]. Notons que dans le travail [28] il a été utilisé des méthodes et un appareillage analogues aux nôtres, mais sous un autre nom.

La dynamique non linéaire de l'ADN, des ribosomes et du collagène

En 1984, à l'Institut des Problèmes Physico-technique de l'Académie des Sciences de l'URSS, j'ai découvert le phénomène de la mémoire en retour de l'ADN, des ribosomes (Sous particules 50S de la bactérie E. Coli) et du collagène [12, 19], grâce à la spectroscopie de corrélation laser. Les préparations ADN, des ribosomes et du collagène,

in vitro, donnaient des spectres oscillatoires isomorphes, sous forme de fonctions temporaires d'auto corrélation, à des intervalles de temps réguliers. En fait les préparations rayonnaient un champ acoustique, avec des compositions spectrales répétitives. Un tel comportement, dans les systèmes oscillatoires non linéaires, a reçu le nom du Retour de Fermi-Pasta-Ulam (FPU) du nom des physiciens qui avaient découvert ce phénomène en 1956 [31]. Ce phénomène possède une signification fondamentale, et on le considère comme la mémoire des systèmes non linéaires, pour des modes initiaux d'excitation, et il est l'une des formes des solitons : des ondes isolées non amorties. Le Retour FPU est observable dans les longues lignes de transmission électrique, dans les propriétés de transmission de l'influx nerveux, dans les générateurs électromagnétiques et dans la dynamique oscillatoire de l'ADN, des ribosomes, du collagène, ainsi que dans de nombreux autres processus ondulatoires. Nous avons construit conjointement un générateur électromagnétique, dont le spectre de rayonnement réalisait un Retour FPU. Nous l'avons utilisé avec succès pour la transmission à distance de l'information morphogénétique {18} depuis des embryons de grenouille *Xenopus laevis*, vers des préparations d'ectoderme de gastrula prématurée de ces embryons, qui fut suivie de l'embryogénèse de l'ensemble des dérivées neurales et mésodermales : amorce du canal neural, des muscles et de l'intestin [12. 32]. Cela fut la première programmation électromagnétique à distance, de cellules totipotentes (cellules souches) d'ectoderme de gastrula prématurée, et l'une des preuves de l'existence de l'information génétique sous une forme de champ physique, qu'avait prédit A. G. Gurvitch dans les années 20 à 40 du siècle passé. On peut considérer le signal de Retour FPU au niveau de l'ADN des chromosomes comme l'une des formes de la mémoire épigénétique ondulatoire de retour, que les systèmes biologiques utilisent dans des actes de régénération de leurs organes et tissus : le foie humain, les pinces du crabe, les tentacules des céphalopodes, le corps des planaires, la régénération des plantes, etc.

Le micro ARN (miARN). Son rôle possible dans le cadre de la GLO.

Il existe dans les organismes une grande classe de ce qu'on appelle les « micro ARN ».

[http://ru.wikipedia.org/wiki/%CC%E8%EA%F0%EE%D0%CD%CA].

Ce sont des molécules d'une longueur de 21-22 nucléotides. Il est peu probables que des polyribonucléotides aussi courts soient capable de porter une quelconque information, comparable à celle de l'ARNm. Néanmoins le rôle des microARN est très grand. Ils peuvent avoir une influence positive ou négative sur l'expression des gènes, selon la façon dont l'appariement des microARN avec l'ARNm modifie la structure secondaire de celui-ci, ainsi par leur intermédiaire ils contrôlent la ligature d'autres facteurs de régulation. Certains microARN peuvent réguler l'activité des ARN non codants. Les microARN peuvent probablement fonctionner sans l'appariement avec des acides nucléiques cible, par exemple par l'intermédiaire de la concurrence pour la liaison aux protéines, avec les ARN. Les microARN représentent un ensemble vaste d'éléments de structure, dont les fonctions sont connues et importantes. Mais le mécanisme stratégique de régulation des microARN est incompris. Malgré leur taille minime, les microARN réalisent des actes de régulation significatifs, comme par exemple

la répression de la traduction de l'ARNm, sans sa déstabilisation. Aujourd'hui l'avalanche de données expérimentales nouvelles sur les puissantes fonctions de régulation des microARN, ne fait que grossir. Cela devient un problème pour les chercheurs, car on ne comprend pas par qui et comment se fait la régulation de microARN eux-mêmes, qui réalisent en fait un travail intelligent de régulation du métabolisme des systèmes biologiques. C'est une partie du grand problème théorique des petits composants du chaudron métabolique des organismes, qui pilotent les innombrables variantes tactiques du métabolisme dans son ensemble. En ce sens les microARN ne font pas exception. Le sens des transpositions précises des gènes dispersés appartient au même problème, tout comme les déplacements précis des ARNt, le repérage des antigènes par les anticorps, le repérage des sites de reconnaissance par les restricases, le repérage par les virus de leurs récepteurs sur les membranes cellulaires, le repérage par la protéine p53 de ses nombreux point de fonctionnement, etc. Les exemples sont innombrables d'une telle organisation intelligente des interactions dans l'espace intercellulaire, accidenté, à cristaux liquides. C'est le niveau moléculaire. Mais nous voyons la même chose au niveau de l'organisme, dans les exemples de la construction des rayons de miel par les abeilles, la construction des fourmilières par les fourmis, ou des termitières par les termites, lors du comportement grégaire, etc. Est-ce l'expression d'une origine « collective inconsciente » ou le fait d'une organisation intelligente supérieure ? Nous ne le savons pas. Une explication simple est possible dans le cadre de la Génétique Linguistique Ondulatoire (GLO). S'il est admis que l'expression « textes génétiques » n'est pas une métaphore, alors nous devons automatiquement admettre l'idée d'une grammaire de tels textes, qui n'est pas nécessairement semblable aux grammaires des langues humaines, qui selon N. Chomsky, sont semblables. http://www.textfighter.org/raznoe/Linguist/homsk/homskii_n_aspekty_teorii_sintaksisa_lingvistiki.php

La grammaire des textes génétiques, comme un Espéranto universel, possède probablement ses traits spécifiques. On peut supposer que les microARN constituent {19} un système complexe de ponctuation des textes génétiques et d'autres signes-symboles qui fixent de nouveaux domaines de sens, dépendant des interactions sur les textes cibles des ARN et ADN, visés par les microARN, de façon planifiée et consciente. Ceci est recevable si on considère le génome comme un bio ordinateur qui réaliserait les actes les plus simples de Pensée-Conscience et de Parole (des textes).

Bibliographie

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

2. Гаряев, 2009, Лингвистико-волновой геном. Теория и практика. Киев. Моногр. 216 с.; --| Garaïev P., 2009, Le génome linguistique ondulatoire. Théorie et pratique. Kiev. Monographie 216 pages.--

Pitkanen, 2010. The Notion of Wave Genome and DNA as Topological Quantum Computer, http://tgd.wippiespace.com/public_html/pdfpool/gari.pdf

3.
http://yandex.ru/clck/jsredir?from=yandex.ru%3Byandsearch%3Bweb%3B%3B&text=&etext=365.BTHKgYs
-wi518m5-55EEjT5l0YovjlbfTx6Bj-wLfbVCfWNa1vBo-qpJ5BwxF2xAnbfKy6E_tAcRhrRZ_EqNRS42YUSdcE6AGVBSnEGibPQOuMqZbXQCOG5U34GpMzdwmk_RSGpjV5a5YEXRJJqFC25lJkGYgbOKjIhrxjnVfP9FTTzoQ7K_Ny745fobHbca89ExbEezlSgLiN3YuwxxU3nwIcKduYc1GSF

ntgMQ.c2c826432cacfbf88f2cb421e643998b79d98a83&uuid=&state=AiuY0DBWFJ4ePaEse6rgeAjgs2pI3D

W99KUdgowt9XsMCv5TMMN9UTQSQbnFqxRfmqMBQ4ByD1zveyOraa59fRzWokoDKuu8XIP84pTPSlB

6X9q6o32I7X5qUpHyXKCc30xvJuGRFd3U_OlkcplqxB6cFteqdCVa977sdfBqzjJQiH8N2zzUNtaK0p2N8fzE

Uq2XMkq_3v2ircGaOIPt8WVJAmGYcuPI&data=UlNrNmk5WktYejR0eWJFYk1LdmtxcC0RMd25YTDI0SX

JpbkdkQ1gwaWdEQWp4VVZvQ3hHSkxrRUZJR2Y5UVBaVE92cmVOeWFGdWY5QV85WnF0TkFsQXlU

cnJ5M3lPWDNXdEU4LUhMT2Q4UWVNdFhfVlBPM0xtaHc1NG14ZXk0c0xMVWxjVVF4bUtnbmlJZC1

mZHZwWGZqWVJta1hmeU92Y3FlUTdfdW9GT3NxUXhOclVhM2VWdmc&b64e=2&sign=1b6c31f3707d57970878a4385b57ba41&keyno=0&l10n=ru

4. М. Ниренберг, Ф. Крик, 1964. Январь Т. LXXXII, вып. 1. УСПЕХИ ФИЗИЧЕСКИХ НАУК. ФИЗИКА НАШИХ ДНЕЙ 576.1 + 547.963.3 --|M. Nirenberg, F. Crick, 1964, Janvier Tome LXXXII, bulletin 1. Succès des sciences physiques. Physique de nos jours. 576.1 + 547.963.3 --
http://ufn.ru/ufn64/ufn64_1/Russian/r641c.pdf

5. Crick F.H.C. 1966. Codon-anticodon pairing: the wobble hypothesis, v. 19, pp. 548-555.
6. Crick F.H.C. 1989. What mad pursuit. A personal view of scientific discovery. Basic Books, Inc. Publishers. New York. Traduit en russe : Перевод на Русский: Френсис Крик «Безумный поиск. Личный взгляд на научное открытие». Институт компьютерных исследований. Москва-Ижевск, 2004.
7. Lagerkvist U. 1978. «Two out of Three»: an alternative method for codon reading. Proc. Natl. Acad. Sci., USA, v. 75, pp. 1759 1762.
8. Shcherbak V.I. 2003. Arithmetic inside the universal genetic code. Bio Systems, v. 70, pp.187–209.
9. Adleman L.M. 1994. Molecular Computation Of Solutions To Combinatorial Problems. The first DNA computing paper. Describes a solution for the directed Hamiltonian path problem. Science, v. 266 (11), pp. 1021–1024.
10. Гаряев П. П., Македонский С.Н., Леонова Е.А. 1997. Биокомпьютер на генетических молекулах как реальность. Информационные технологии, № 5, с. 42-46.; --| Garaïev P. P, Makedonsky S. N., Leonova E. A., 1997. Le bio ordinateur en molécules génétiques—une réalité. Les techniques d'Information, N°5, pages 42 à 46. --
Gariaev P.P., Birshtein B.I., Iarochenko A.M., Marcer P.J., Tertishny G.G., Leonova K.A., Kaempf U. 2001. The DNA wave bio computer. «CASYS», International Journal of Computing Anticipatory Systems (ed. D. M. Dubois), Liege, Belgium, v. 10, pp. 290-310, http://www.rialian.com/rnboyd/dna-wave.doc

11. Crick F.H.C. 1989. What mad pursuit. A personal view of scientific discovery. Basic Books, Inc. Publishers. New York. Traduit en russe: Перевод на Русский: Френсис Крик «Безумный поиск. Личный взгляд на научное открытие». Институт компьютерных исследований. Москва-Ижевск, 2004.
12. Гаряев П.П. 1997. Волновой генетический код. М., Издатцентр, 107с. --|Garaïev P. P. 1997. Le code génétique ondulatoire. Moscou. IZDATZENTR, 107 pages.--
13. Овчинников Л. П., 1998. Что и как закодировано в мРНК. Московский Государственный Университет. Соросовский образовательный журнал №4. С.10, 18. .- --|Ovtchinnikov L. P., 1998, Quoi et comment est encodé l'ARNm. Université d'Etat de Moscou. Journal éducatif de Soros N°4, pages 10 à 18--
http://bio.fizteh.ru/student/files/biology/bioarticles/f_4ai2
14. Gariaev P.P., Birshtein B.I., Iarochenko A.M., Marcer P.J., Tertishny G.G., Leonova K.A., Kaempf U. 2001. The DNA wave biocomputer. «CASYS», International Journal of Computing Anticipatory Systems (ed. D.M.Dubois), Liege, Belgium, v. 10, pp. 290-310, http://www.rialian.com/rnboyd/dna-wave.doc
15. Стил Э., Линдли Р., Бландэн Р. 2002. Что, если Ламарк прав? Иммуногенетика и эволюция. М., Мир, 237 с. --|Steel E., Lindly P., Blanden P.. 2002. Et si Lamarck avait raison ? Immunogénétique et évolution. Moscou. Ed MIR. 237 pages. --
16. Kabat E. A. et al. 1977. Sequence of Immunoglobulin Chains, US Department of Health. Education and Welfare.
17. Спиноза Б. 1677. Этика. --|Spinosa B. 1677. Ethique --
18. Налимов В.В. 1989. Спонтанность сознания. Вероятностная теория смыслов и смысловая архитектоника личности. М., Прометей, 287 с. --|Nalimov V. V. 1989. La spontanéité de la Conscience. La théorie de probabilité des sens et l'architectonique du sens de la Personnalité. Moscou. Ed. Promété. 287 pages.--
19. Gariaev P.P., Chudin V.I., Komissarov G.G., Berezin A.A., Vasiliev A.A. 1991. Holographic Associative Memory of Biological Systems. Proceedings SPIE, The

International Society for Optical Engineering. Optical Memory and Neural Networks., USA, v. 1621, pp. 280-291.
20. Гаряев П.П. 1994. Волновой геном. М., РАН, Общественная польза, М., 279 с. --| Garaïev P. P., 1994, Le génome ondulatoire. Moscou, Académie des Science de Russie, Utilité publique, Moscou, 279 pages.--
21. Allison S.A., Sorlie S.S., Pecora R. 1990. Brownian Dynamics Simulations of Wormlike chains: Dynamics Light Scattering from 2311 Base Pair DNA Fragments. Macro molecules, v. 23, pages 1110-1118.
22. Biebricher C.K., Eigen M., Luce R. 1981. Product analysis of RNA generated de novo by Qb Replicase. J. Mol. Biol., v. 148, pp. 369-390.
23. Прангишвили И.В., Гаряев П.П., Тертышный Г.Г., Максименко В.В., Мологин А.В., Леонова Е.А., Мулдашев Э.Р. 2000. Спектроскопия радиоволновых излучений локализованных фотонов: выход на квантово-нелокальные биоинформационные процессы. Датчики и Системы, № 9, Т. 18, с. 2-13. --| Prangchvili I. V., Garaïev P. P., Tertychny G. G., Maksimenko V. V., Mologuine A. V., Leonova E. A., Muldachev E. R., 2000. Spectroscopie des rayonnement radio de photons localisés : accès aux processus d'information biologique quantiques, non locaux. Capteurs et systèmes. N°9, tome 18, pages 2 à 13. --
24. Gariaev P. and Pitkänen M, 2011, A Model for the Findings about Hologram Generating Properties of DNA. DNA Decipher Journal January 2011| Vol 1.| Issue 1| pp. 047-072 47
25. Гаряев П. П., Тертышный Г.Г., Товмаш А.В. 2007. Экспериментальные исследования in vitro по голографическому отображению и переносу ДНК в комплексе с информацией, её окружающей. Новые медицинские технологии, № 9, с. 42-53. --| Garaïev P. P., Tertychny G. G., Tovmach A. V., 2007. Recherches expérimentales in vitro, sur l'expression holographique et le report de l'ADN avec son information environnante. Technologies médicales nouvelles. N°9, pages 42 à 53. --
26. Гаряев П.П., Кокая А.А., Мухина И.В., Леонова-Гаряева Е.А., Кокая Н.Г. 2007. Влияние модулированного биоструктурами электромагнитного излучения на течение аллоксанового сахарного диабета у крыс. Бюллетень Экспериментальной Биологии и Медицины, № 2, с.155-158. --| Garaïev P. P., Kokaya A. A., Moukhina I. V., Leonova-Garaïeva E. A., Kokaya N. G., 2007. Influence d'un rayonnement électromagnétique modulé par des structures biologiques sur l'évolution d'un diabète sucré alloxane chez des rats. Bulletin de la médecine et de la biologie expérimentale N°2, pages 155 à 158. --
27. Гаряев П. П., Кокая А.А., Леонова-Гаряева Е.А., Мулдашев Э.Р., Мухина И.В., Смелов М.В., Тертышный Г.Г., Товмаш А.В., Ягужинский Л.С. 2007. Теоретические модели волновой генетики и воспроизведение волнового иммунитета в эксперименте. Новые медицинские технологии, Новое медицинское оборудование, № 11, с. 26-70. --| Garaïev P. P., Kokaya A. A., Moukhina I. V., Leonova-Garaïeva E. A., Tertychny G. G., Tovmach A. V., Smelov M. V., Yagujinsky L. S., 2007. Modèles théoriques de la génétique ondulatoire et reproduction de l'immunité ondulatoire par l'expérience. Technologies médicales nouvelles. Nouveaux équipements médicaux. N°11, pages 26 à 70. --
28. Островский Ю.И., Тертышный Г.Г., Эвентов В.Л., 2014. управление нормализацией функционирования клеток организма путём их облучения радиоволнами, модулированными информацией о функционировании аналогичных здоровых молодых клеток. Институт проблем управления РАН, Москва, Российский научный центр хирургии им. академика Петровского, Москва. --| Ostrovski Yu. I., Tertychny G. G., Eventov V. L., 2014. Régulation de la normalisation du fonctionnement des cellules de l'organisme par leur irradiation par des ondes radio, modulées par l'information du fonctionnement de jeunes cellules semblables, en bonne santé. Institut des Problèmes de Régulation de l'Académie des Sciences de Russie. Moscou. Centre scientifique russe de Chirurgie, du nom de l'académicien Petrovsky. Moscou. --
http://hologrammatrix.com/index.php/8-stati/2-up-r-avl-e-nie-n-o-r-m-a-l-i-z-a-ts-i-ej-f-un-kts-ioni-r-ov-aniya-k-l-e-t-ok-o-rg-a-n-i-z-ma

29. Peter P. Gariaev et al., May 2014. Materialization of DNA Fragment in Water through Modulated Electromagnetic Irradiation. Preliminary Report. DNA Decipher Journal | | Vol. 4 | Issue 1 | pp. 01-02. ISSN: 2159-046X DNA Decipher Journal Published by Quantum Dream, Inc. www.dnadecipher.com

30. Gariaev Peter and Pitkänen Matti (2011) Model for the Findings about Hologram Generating Properties of DNA. DNA Decipher Journal January 1 (1). pp. 47-72. ISSN ISSN: 2159-046. http://scireprints.lu.lv/160/

31. Fermi E., Pasta J., Ulam S., 1955, Studies of nonlinear problems. 1. Physics. Report.

32. Gariaev P.P., Chudin V.I., Komissarov G.G., Berezin A.A., Vasiliev A.A., 1991, Holographic Associative Memory of Biological Systems, Proceedings SPIE - The International Society for Optical Engineering. Optical Memory and Neural Networks., v.1621, p.280- 291. USA.