**Информационное управление клеточными процессами**

Калашников Юрий Яковлевич

Живая клетка – это чрезвычайно мощная информационная управляющая система, представляющая собой уникальный центр по синхронной переработке сразу трёх важнейших составляющих – органического вещества, химической энергии и молекулярной информации. Она является той элементарной биологической единицей, которая обладает всеми свойствами живого. Клетка обычно представляет собой микроскопический объект, где на молекулярном уровне рождается удивительный мир и жгучая загадка жизни. Можно сказать, что это и есть те, издревле разыскиваемые, таинственные “Врата Жизни”, из которых каждый из нас появляется на свет как информационный биологический аналог своих близких и далёких предков. Именно через клетку судьба нам дарит Жизнь – драгоценное диво Вселенной. В своей новой статье, которая является логическим продолжением и развитием идей молекулярной биологической информатики, автор предлагает к рассмотрению информационную концепцию самоуправления живой клеткой.

**1. Пути исследования сущности живого.**

Исследование биологической формы движения материи в настоящее время, судя по состоянию молекулярных наук, сводится к изучению физико-химических процессов обмена веществ и энергии в живых системах, то есть к поиску путей и изучению прохождения тех многочисленных биохимических реакций, которые объединены общим понятием – метаболизм. Не случайно, одна из основных формулировок биологии, определяющая сущность жизни, гласит, что “жизнь - это обмен веществ и энергии в организме”. Поэтому, когда сегодня говорят о клетке как об элементарной структурно-функциональной единице всего живого, то под этим понятием, в первую очередь, понимают биохимическую часть её сущности. Именно с этой точки зрения, её изучают и исследуют различные биологические науки: биофизика, биохимия, молекулярная биология, генетика, геномика, цитология и многие другие дисциплины. Как мы видим, до сегодняшнего дня в изучении живой формы материи доминирует культ физико-химического направления. Между тем, следует отметить, что вся многосложная “паутина” целенаправленных и упорядоченных химических превращений в клетке формируется не сама по себе, а является результатом деятельности весьма сложной управляющей системы.

Ясно, что живая клетка должна обладать своими устройствами, предназначенными для “автоматизированной” переработки органического вещества, химической энергии и молекулярной информации. В противном случае эти процессы просто не могли бы иметь места. Поэтому многочисленные последовательности химических реакций основных путей клеточного метаболизма, по своей сути, могут относиться только к процессам управляемым. Очевидно, что в настоящее время молекулярная биология, в совокупности с другими дисциплинами, изучает и исследует только те процессы, которые в живой клетке являются вторичными, зависящими от работы системы управления. А первичные, – управляющие клеточные процессы, обеспечивающие управление и генерацию клеточного метаболизма, до сих пор практически не поддаются изучению. Между тем, только они составляют главную сущность живого, и только они обеспечивают все жизненные процессы клеток и организмов.

Следовательно, основная, фундаментальная часть живого по тем или иным причинам, почему-то, выпала из поля зрения молекулярных биологических наук. В силу этих обстоятельств, по вторичной, – управляемой части живого, современная наука накопила обширнейшие исследовательские данные, сведения и знания, полученные многочисленными биологическими науками.

Однако по первичной, самой фундаментальной и неисследованной части, в активе у биологических наук имеются лишь данные о структурно-функциональной организации ДНК, изученный генетический код и фрагменты репликации, транскрипции и трансляции генетической информации, указывающие на наличие в каждой живой клетке целостной молекулярно-биологической системы управления.

Причем эта, – самая необходимая и востребованная область науки, после выдающихся открытий “спирали жизни” (ДНК), генетического кода и других достижений, вот уже около полувека, если можно так сказать, живет знаниями вчерашнего дня. К сожалению, мало прибавилось и дисциплин, которые изучают и исследуют информационную сущность жизни. Хотя уже достаточно давно известно, что генетические и информационные молекулярно-биологические технологии правят великим миром живого уже более 3,5 миллиардов лет!

Биологи до сих пор пытаются обойтись без исследования закономерностей молекулярной информатики. А проблемы организации живой материи и функционального поведения белковых и других молекул они пытаются решать по-своему. Однако нельзя же серьезно относиться к той концепции, которая без всяких обоснований декларирует, что белковые и другие макромолекулы и структуры живой клетки просто “самоорганизуются”, а ферменты, при этом, становятся теми катализаторами, которые получают способность управлять всеми химическими превращениями и биологическими функциями в живых клетках и организмах. Ясно, что катализаторы способны в определённой мере ускорять протекание химических реакций, но не до таких же астрономических значений (10 в восьмой – 10 в двадцатой степени раз!) [1] и не с такой же производительностью, избирательностью и управляемостью, как это делают ферменты! [2]. Поэтому процесс самоорганизации живой материи – далеко не изученный процесс, который, по моему мнению, связан, прежде всего, с информационной сущностью живого, а ферменты – это далеко не простые химические катализаторы даже только потому, что в своей работе применяют метод полифункционального катализа. Очевидно, что ферменты различного назначения, по представлениям сегодняшнего дня, – это сложные автоматы естественных нанотехнологий, которые применяются живой природой уже многие сотни миллионов лет.

Ясно, что феномен био-логического управления, которым обладают ферменты и другие клеточные белки, по силам лишь молекулярным биологическим автоматам или манипуляторам с программной биохимической логикой управления. Живые клетки – это весьма сложные естественные информационные самоуправляемые системы, которые функционируют на молекулярном уровне и поэтому часто имеют микроскопические размеры. Протекающие процессы в клетке настолько “автоматизированы”, взаимосвязаны и сопряжены друг с другом, что порой трудно определить – где идёт преобразование вещества, а где энергии или информации. Логика структурного построения, функционального поведения и взаимодействия биологических молекул определяется генами, поэтому все эти процессы имеют биохимическую основу и носят информационный характер. Любой процесс функционирования сложного технического или живого объекта всегда и непременно связан с передачей и преобразованием информации.

Поэтому исследователей живого всегда волновал вопрос, как и каким образом, генетическая информация определяет не только структурную организацию, но и весь широкий диапазон биологических функций и химических превращений в живой клетке?

**2.Информационные компоненты живого.**

В первую очередь необходимо отметить, что структурное построение и функциональное поведение биологических молекул в живых системах подчинено не только известным физическим и химическим законам, но и особым принципам и правилам, которые, по мнению автора статьи, следует отнести к закономерностям молекулярной биохимической логики и информатики! Поэтому, чтобы разобраться в работе управляющей и управляемой клеточных системах, в первую очередь, необходимо понять не только принципы и правила их действия, но и осмыслить закономерности применения молекулярной элементной базы. Известно, что всё живое на Земле, от ничтожной бактерии до человека, состоит из одинаковых “строительных блоков” – стандартного набора более чем трёх десятков типовых функциональных био-логических (биохимических) элементов.

Этот типовой набор представляет собой ничто иное, как элементную базу, или общий молекулярный биологический алфавит, который, по мнению автора, служит не только для построения биомолекул, но и для кодирования и программирования молекулярных структур и функций живой материи. В состав этого уникального комплекса элементов входят различные системы био-логических элементов (отдельные молекулярные алфавиты):

1) восемь нуклеотидов, – “четыре из них играют роль кодирующих единиц ДНК, а другие четыре используются для записи информации в структуре РНК” [1];

2) двадцать различных стандартных аминокислот, которые кодируются в ДНК и служат для матричного построения белковых молекул;

3) несколько жирных кислот, – сравнительно небольшое число стандартных органических молекул, служащих для построения липидов;

4) родоначальниками большинства полисахаридов является несколько простых сахаров (моносахаридов) и т. д.

Все эти химические буквы и символы живой природы являются натуральными дискретными единицами молекулярной информации. Важно также отметить, что весь этот комплекс элементов обладает функциональной полнотой, так как содержит функционально полный набор био-логических элементов. Именно поэтому живая природа, пользуясь био-логическими элементами, способна к построению и реализации любых биологических структур и функций.

Интересно, что кроме семантики сообщений все био-логические элементы обладают еще и универсальной природной способностью к выполнению различных – химических, энергетических, программных и других биологических функций. Информационные сообщения не могут перемещаться во времени и в пространстве нематериальным способом. Поэтому информация в живой системе, – это содержательные сведения, заключенные в том или ином послании или сообщении генома, которые хранятся, передаются и используются только в закодированной молекулярной форме в виде биологических молекул! Любой информационный код (и не только генетический) в живой клетке записывается химическим способом с помощью элементарной формы органического вещества, поэтому различные посылки и сообщения переносятся в структурах разных макромолекул.

Очевидно, что элементная база представляет собой те системы биохимических элементов, используя которые живая клетка способна информационным путём строить различные биологические молекулы и структуры, записывать в них информацию, а затем, с помощью этих средств осуществлять любые биологические функции и химические превращения. И ведь, действительно, – все биохимические элементы (химические буквы и символы), входящие в состав различных биологических молекул, представляют собой ту элементарную форму органического вещества, с помощью которой формируются и передаются биологические коды молекулярной информации. Автор статьи считает, что информация в живой молекулярной системе передаётся с помощью различных дискретных кодовых сигналов, которые сначала формируются в “линейных” молекулярных цепях, а затем, и в трёхмерных структурах различных биологических молекул. Следовательно, информация в живых клетках имеет молекулярный базис представления! [3].

Невероятно, но все биохимические буквы и символы элементной базы (мономеры) живой материи оказалась наделёнными такими химическими и физическими природными качествами и свойствами, сочетание которых позволяет им в составе биологических молекул одновременно выполнять буквально различные по своей биологической роли элементарные функции и операции:

1) служить в качестве строительных блоков, с помощью которых осуществляется физическое построение различных макромолекул;

2) выполнять роль натуральных информационных единиц – химических букв или символов, с помощью которых в биомолекулы записывается молекулярная информация; 3) служить в качестве элементарных единиц молекулярного кода, с помощью которых идёт кодирование, преобразование, передача, а впоследствии, – воплощение и реализация генетической информации;

4) быть программными элементами, с помощью которых строятся алгоритмы структурного преобразования, а затем и программа функционального поведения различных биологических макромолекул;

5) обуславливать потенциальную и свободную химическую энергию биомолекул и т. д.

Следовательно, все био-логические функции и операции молекулярной биохимической логики в живой системе выполняются и реализуются типовыми мономерами, которые несут элементарные химические сигналы и имеют простую “структурную схему”! Поэтому их вполне заслуженно можно назвать молекулярными био-логическими элементами. Вследствие этого, любая макромолекула клетки, состоящая из конечного множества таких элементов, является реализатором тех биологических функций и операций, которые информационным путём интегрированы и загружены в её трёхмерную структуру. Всё это указывает на то, что информация, загруженная в макромолекулы (с помощью аппаратных средств и молекулярного алфавита), определяет не только их молекулярное содержание, но и их структуру, форму, класс биоорганического соединения, потенциальную и свободную энергию химических связей. Кроме того, та программная информация, которая загружена в молекулярные структуры, всегда определяет информационное и функциональное поведение биологических макромолекул в живых системах. Все типовые мономеры были отобраны в процессе эволюции, поэтому, входя в состав биологических молекул и клеточных компонентов, они определяет не только структуру живого вещества.

Элементарный состав биомолекул всегда тождественно является и эквивалентом информационного генетического сообщения, и средством программного и энергетического обеспечения. Это замечательное свойство живой материи можно назвать тождественностью органического вещества, химической энергии и молекулярной информации!

Поэтому, зная основы биохимии и молекулярной биологии, можно констатировать, что принцип единства вещества, энергии и информации – это и есть тот главный и основной закон, который определяет и обуславливает само существование биологической формы материи. А универсальные свойства элементной базы живой материи лишь подтверждают данную гипотезу [4]. Очевидно, что все без исключения биологические свойства и качества макромолекул оказались напрямую связанными с многофункциональными особенностями составляющих их био-логических элементов.

Поэтому, при рассмотрении живой материи, всегда необходимо учитывать не только структурный (информационный) состав различных биомолекул, но и функциональную взаимозависимость и взаимодополняемость различных характеристик составляющих их элементов. Такое “слияние” различных характеристик био-логических элементов в одно функциональное целое и их информационное содержание, делает возможным проявление тех биологических черт и признаков макромолекул, которые наблюдают биологи. Заметим, что каждый типовой био-логический элемент (химическая буква или символ) характеризуется наличием своих функциональных атомных групп, которые определяют его химические свойства и служат входными и выходными цепями, с помощью которых элементы могут ковалентно соединяться друг с другом в длинные молекулярные цепи. И главное, – важно отметить, что каждый элемент (мономер) имеет еще и свою индивидуальную боковую атомную группу (или группы), которая в живой системе, как считает автор статьи, используется в качестве элементарного информационного химического сигнала!

Вспомним: сообщение в цепи ДНК или РНК кодируется в виде последовательности нуклеотидов, а носителями генетической информации являются азотистые основания – “боковые” атомные группы нуклеотидов. Соответственно, и в полипептидной цепи белка это сообщение записывается в виде последовательности аминокислот, где носителями информации являются их боковые R-группы. Общий алфавит живой материи состоит из более 30 химических букв и символов молекулярного языка живой природы, с помощью которых кодируется биологическая информация. Причем, для “автоматизации” процессов кодирования и перекодирования биологической информации в живой клетке применяются свои молекулярные биопроцессорные системы, такие как аппаратные устройства репликации, транскрипции и трансляции генетической информации. А “теоретической и технологической” основой применения молекулярной базы служат свои универсальные законы и принципы, которые, следует отнести к закономерностям “молекулярной биохимической логики и информатики” [5].

Очевидно, что каждая система биохимических элементов в клетке (нуклеотиды, аминокислоты, жирные кислоты, простые сахара и др.) является отдельным алфавитом и характеризуется своим способом кодирования, а также видом и формой представления молекулярной информации. Это, соответственно, и является первопричиной появления различных классов и великого разнообразия биологических молекул в живых системах.

Причем, функции биомолекул полностью определяются элементарными функциями составляющих их био-логических элементов (букв или символов), – то есть информацией. Каждый элемент в составе биомолекулы всегда взаимодействует с другими элементами или с молекулами воды по особым принципам и правилам, которые также можно отнести к закономерностями молекулярной биохимической логики. Поэтому биохимические элементы здесь становятся ещё и теми программными элементами, с помощью которых строятся алгоритмы функционального поведения различных биологических молекул и структур.

Более того, если, к примеру, логический элемент в цифровой технике является простейшим преобразователем двоичной информации, то каждый био-логический элемент в макромолекуле сам играет роль элементарной структурной, информационной и функциональной единицы. Таким образом, живые клетки, при построении различных биологических молекул и структур и при конструировании различных биологических функций, применяют свои особые, сугубо специфические молекулярные био-логические элементы. Эти элементы (в составе живой материи) реализуют функционально полный набор элементарных биохимических функций и операций, поэтому при их использовании живая природа может получить био-логическую функцию любой сложности.

Значит, аналогом биологических функций в живой системе может служить любая биомолекула, выполняющая те функции, которые обуславливаются программной информацией, загруженной в её структуру! Генетическая память и средства кодирования и программирования белковых молекул находятся на значительных, по молекулярным меркам, расстояниях от объектов управления (субстратов). Поэтому живая клетка вынуждена кодировать информационные сообщения и передавать их по различным каналам связи, сначала в форме линейных молекулярных цепей, а затем и в форме трёхмерных биомолекул. В связи с тем, что информация в клеточной системе записывается с помощью элементарной формы органического вещества (химических букв и символов), – нам всегда следует помнить, что кодирование информации в живой клетке ПОСТОЯННО И НЕИЗМЕННО сопряжено с построением определённых молекулярных цепей и биологических структур! [3]. Молекулярное содержание этих цепей и структур напрямую зависит от той информации, которая в них загружается. Следовательно, любую биомолекулу можно рассматривать с двух различных точек зрения: или со структурной (физико-химической), или же с чисто информационной точки зрения. Это следует из принципа единства вещества, энергии и информации живой материи.

**3. Проблема “самоорганизации”, или кодирование и программирование (задание) структур и функций биологических молекул.**

Важно всегда помнить, что все типовые мономеры обладают универсальными природными свойствами и являются такими био-логическими единицами, которые в живой клетке предназначены для реализации элементарных функций и операций молекулярной биохимической логики и информатики. Тех функций и операций, которые мы рассмотрели выше. Поэтому, с помощью мономеров и соответствующих аппаратных средств, живая система может реализовать любую биологическую функцию.

К примеру, для кодирования и программирования биологических молекул в клетке применяется два основных способа – линейный химический и пространственный, стереохимический. Иными словами в молекулярной биологии для кодирования биомолекул, то есть для задания построения трёхмерной структуры, используется линейный (химический) принцип записи информации. А для программирования, то есть для задания функций биологическим молекулам, применяется стереохимический (пространственный) принцип записи информации [5]. Линейный принцип кодирования биологических молекул в молекулярных системах широко применяется на разных этапах передачи генетических сообщений. Этот принцип служит инструментом для преобразования линейных цепей в трёхмерную структуру (конформацию) биологических макромолекул. Он основан на комбинационном способе применения различных биохимических букв и символов молекулярного алфавита живой материи.

Наиболее наглядным примером линейного кодирования информации являются процессы репликации, транскрипции или трансляции генетической информации, когда осуществляется матричный перенос информации с одних цепей на другие. Линейный принцип в живой клетке, как правило, используется для кодирования трёхмерной организации биологических молекул. В живой клетке функционируют только трёхмерные биомолекулы и компоненты, поэтому “одномерная” информация, записанная в “линейных” молекулярных цепях должна быть преобразована в трёхмерную структурную организацию и стереохимическую информацию биологических молекул. Благодаря уникальным свойствам элементной базы, структура молекулярных цепей всегда содержит конкретный алгоритм конформационно-информационного преобразования биологических молекул.

Причем, этот принцип существует и применяется для любых биомолекул клетки. К примеру, типовые характеристики полисахаридов и липидов полностью зависят от той кодовой организации мономеров (химических символов), которые используются в структурах данных макромолекул, что можно подтвердить результатами соответствующих исследований. Особенно наглядно это проявляется в полипептидных цепях белковых молекул, где кодируется разнообразнейшая информация. Поэтому важно знать, что любая полипептидная цепь всегда является тождественным эквивалентом соответствующего кодового послания генома, указывающего будущие характеристики белковой молекулы. Причем, каждое сообщение, при передаче информации в полипептидной цепи белка, как правило, передаётся своим индивидуальным кодом (кодовыми комбинациями аминокислот). Поэтому информация в цепи может содержать как свою адресную и “операционную”, так и свою структурную и текстовую (информационную) части. Значит, различные информационные сообщения в полипептидных цепях могут быть представлены различными молекулярными кодами и кодовыми комбинациями аминокислотных остатков.

Метод пространственного (стереохимического) кодирования основан на предварительном преобразовании линейной кодовой комбинации элементов цепей биомолекул в трёхмерную кодовую координатную организацию этих элементов и их боковых атомных групп в пространственной решетке. К примеру, линейная кодовая информация полипептидных цепей (как, впрочем, и других цепей биомолекул) всегда содержит конкретный алгоритм пространственного преобразования макромолекул. При этом сама программа функционирования белковой молекулы (благодаря управляющим средствам и программирующим свойствам элементов) коммутируется лабильными физико-химическими силами, связями и взаимодействиями между боковыми R-группами элементов (аминокислот) в составе её трёхмерной структуры.

Поэтому природа взаимодействий боковых атомных групп, определяющих конформационные особенности и внутреннюю динамику макромолекулы, имеет химическую основу и носит информационный характер, а сами взаимодействия основаны на правилах и принципах молекулярной биохимической логики. Макромолекула как бы стабилизируется самосогласованным сжимающим информационным полем, обусловленным силами притяжения между мономерами (программными элементами).

Поэтому функциональное поведение макромолекулы в клетке, при взаимодействии её с молекулярными партнёрами, определяется свободной энергией и результатом информационного взаимодействия как внутренних, так и внешних составляющих её элементов. В результате преобразований каждый белок клетки получает своё индивидуальное структурное, информационное, энергетическое, функциональное и программное обеспечение. Поэтому, стереохимический принцип кодирования молекулярной биологической информации применяется живой природой для размещения в одной макромолекуле различных по своему назначению сигналов, сообщений, команд управления, а также органов и механизмов их реализации.

Такая организация биомолекул не обладает сильной структурной жесткостью, а всегда достаточно лабильна в тех пределах, которые необходимы для выполнения их биологических функций. В связи с этим, в “молекулярной информатике”, для исследования информационных путей построения и программно-функционального поведения биомолекул, открывается большое поле деятельности [2]. Целью стереохимического кодирования белковых макромолекул является передача адресных информационных сообщений с кодовым разделением различных по своему назначению сигналов. Каждый функционально активный белок клетки, как молекулярный биологический программный объект, всегда состоит из данных, то есть, – функциональных биохимических программных элементов (аминокислот) и физико-химических алгоритмов, определяемых биохимической логикой их взаимодействия.

Очевидно, что молекулярные биологические системы наиболее широко используют стереохимические кодовые сигналы с переносчиком информации в виде трёхмерных биомолекул. А это уже качественно новый скачок в использовании молекулярной информации, которая в такой форме явно становится основной характеристикой живой материи. Стереохимическое кодирование в живых молекулярных системах служит для программирования функций различных биомолекул. И если для компактной трёхмерной упаковки молекулярных цепей, а, следовательно, и информации, в живых системах применяется линейный принцип кодирования, то стереохимический принцип кодирования, как считает автор статьи, служит для программирования самих функций биологических молекул. В силу этих обстоятельств информация в молекулярной биологии приобретает смысл только через функцию, которую она кодирует!

Биологические функции возникают в процессе информационного взаимодействия биологических молекул друг с другом. Поэтому все информационные взаимодействия биомолекул являются прелюдией к выполнению функций биологических. Стереохимическое кодовое разделение сигналов в трёхмерной структуре макромолекулы позволяет белку динамически и информационно взаимодействовать с различными молекулярными партнёрами: с транспортными молекулами, с коферментами, с мембранами клетки, с АТФ, с регуляторными молекулами, с партнёрами по агрегатированию и т. д.

В связи с этим, процесс описания конкретного функционального алгоритма белковой молекулы на языке “стереохимических кодовых команд” предлагаю назвать – “программированием в стереохимических кодах”. Биологические функции возникают лишь в процессе адресной встречи и обмена информацией между биомолекулами с помощью их кодовых стереохимических матриц, которые должны комплементарно соответствовать друг другу. А соответствие информационных кодов биологических молекул в живых системах строится по принципу их структурной (стерической) и химической комплементарности, то есть на основе взаимодополняемости их связей, структур и функций [2].

Собственно, – это и есть те разыскиваемые коды соответствий биологических молекул, которые являются основой их информационного взаимодействия! Стереохимическими кодами – пространственной организацией био-логических элементов в трёхмерной структуре, программируется работа исполнительных органов и механизмов, обуславливаются функции, поведение и биологическая судьба не только белковой, но и любой другой биомолекулы клетки. То есть, таким путём программируются все их биологические механизмы и функции! Как мы видим, особенности построения и функционального поведения биологических молекул непосредственно связаны с их элементарным содержанием и со способом записи и передачи информации между био-логическими элементами, входящими в структуру биомолекул.

Информация в живых молекулярных системах записывается “линейным” химическим или пространственным, стереохимическим способом. А передача информации осуществляется за счет контактного комплементарного принципа взаимодействия биологических молекул. Именно переключение состояний био-логических элементов в трехмерных конформациях, при информационных взаимодействиях биомолекул друг с другом, обеспечивает те функциональные процессы, которые происходят в структурах самих биологических молекул! А порядок и последовательность этих функциональных и динамических проявлений осуществляется той программной информацией, которая заранее была загружена в их структуры. Это, по мнению автора статьи, очень важный момент, на который исследователям живого следует обратить внимание. Исследование информационных процессов должно стать одним из приоритетных направлений в молекулярной информатике.

Таким образом, классическая схема самоорганизации биологических молекул в своей основе держится на информационных процессах! При этом если целью линейного химического кодирования является формирование трехмерных структур, то целью стереохимического кодирования биомолекул является передача адресных информационных сообщений с кодовым разделением различных по своему назначению сигналов [5]. Более чем наглядно это видно, когда такая программа реализуется в форме белков и ферментов, то есть в виде молекулярных биологических автоматов или манипуляторов. Поэтому можно сказать, что это – универсальный путь передачи управляющей информации для непосредственного использования её в различных биологических процессах [2].

Сейчас в биологической литературе появляются работы, в которых авторы утверждают, что генетический текст и генетический код не способны хранить, обрабатывать и передавать огромные массивы информации. В силу этих обстоятельств, якобы, должны существовать иные пути и способы передачи наследственной информации, вплоть до передачи её “высшими сферами”. Однако, у официальной науке нет данных, которые бы, к примеру, подтверждали, что гены могут напрямую управлять живым веществом волновым или лазерным, полевым, цифровым или каким-либо другим способом.

По мнению автора данной статьи, гены управляют живой материей только путем её структурного кодирования и функционального программирования, а все другие сопутствующие – волновые, полевые и др. проявления – вторичны, так как они обусловлены структурно-функциональным и информационным поведением огромного числа биомолекул и клеточных компонентов. Безусловно, некоторые из этих проявлений могут играть дополнительную, вспомогательную роль в управлении живой материей, однако первую скрипку в общем ансамбле процессов, всё-таки, играет программная информация генов, транслированная и загруженная в биологические молекулы и структуры живой системы. Очевидно, что все информационные массивы, загруженные в макромолекулы и другие клеточные компоненты, могут быть переданы только структурными генами, поэтому нет причин сомневаться в информационных возможностях генома.

**4. Общие принципы действия клеточной системы управления.**

Живые клетки с их программным обеспечением следует отнести к наиболее сложным системам, которые когда-либо существовали в природе. Их сложность определяется чрезвычайной миниатюризацией “изготовления”, многочисленностью входящих в их состав био-логических элементов, бесчисленным количеством ковалентных и нековалентных химических связей между элементами и неопределенностью законов функционирования и преобразования информации. И, кажется, что нет никакой практической возможности и теоретической вероятности разобраться во всей многосложности протекающих химических и биологических процессов.

Однако заметим, что вся эта многосложность всегда сводится к относительно простым закономерностям молекулярной биохимической логики и информатики и простым принципам и правилам использования элементной базы! Сначала отметим, что принципы действия управляющей системы клетки относительно просты, хотя при этом могут быть задействованы сложные молекулярные программно-аппаратные устройства. К примеру, при организации процессов репликации, транскрипции или трансляции генетической информации, управляющая система клетки манипулирует целостными элементами – нуклеотидами или аминокислотами, которые играют роль химических букв биологической информации. При построении полисахаридов или липидов она манипулирует уже другими элементами – простыми сахарами и жирными кислотами, которые вполне можно назвать символами молекулярной информации. Кроме того, в ступенчатых химических реакциях различные ферменты способны манипулировать и отдельными химическими знаками этих элементов, то есть их составными частями. Эта способность управляющей системы основана на том, что все типовые биохимические элементы, а значит и биомолекулы клетки, обладают различными типовыми функциональными и боковыми группами, атомами и их химическими связями, которые свободно узнаются и тестируются соответствующими ферментами. Боковые и функциональные атомные группы, атомы и их химические связи – это и есть те опознавательные знаки, благодаря которым управляющая система легко может идентифицировать любой биологический элемент клетки!

Таким образом, общий принцип действия информационной молекулярно-биологической системы управления живой клетки (так же как и в компьютере) сводится к упорядоченному манипулированию различными буквами, символами и знаками, которым предписан определённый информационный смысл. Сам же механизм действия системы основан на том, что все операции, связанные с организацией управляющего процесса, производятся над единицами биологической информации – химическими буквами и символами.

А операции, связанные с управляемыми процессами, в основном, производятся над составными частями молекул субстрата – химическими знаками их элементов. Это подтверждает то предположение, что все химические и биологические процессы в живых молекулярных системах управляются только информационным путём, а источником управляющей информации является генетическая память. Данный момент трудно переоценить, так как он является ключевым для молекулярной биохимической логики и информатики. При управлении ступенчатыми реакциями, все биохимические процессы (катаболизма или анаболизма) любой сложности также разбиваются на определенную последовательность типовых химических реакций. Заметим, что простота типовых (элементарных) операций управления достигается и обеспечивается применением типовых информационных молекулярных кодов, сформированных в активных центрах соответствующих ферментов. Эти коды эквивалентно соответствуют тем типовым химическим буквам, символам или знакам, с которыми в данный момент работают ферменты!

Таким образом, управляющая система клетки работает с биомолекулами так, что воспринимает их и как химические, и как информационные компоненты субстратов! [4]. Поэтому, автор статьи считает, что все живые клетки информационно работают только с молекулярными кодами (в том числе и генетическими). Это могут быть коды генетических программ, линейные или стереохимические коды биологических макромолекул, коды отдельных букв, символов или химических знаков. Эффективность применения в живых системах молекулярных кодов обеспечивается многократным циклическим их повторением в структурах типовых биомолекул.

Поэтому, обобщенно, все сообщения и сведения, записанные в структурах биологических молекул, с которыми работает управляющая система клетки, следует считать молекулярной информацией! [5]. Бесконечная череда длинных дискретных сообщений (в виде иРНК, полипептидных цепей, белковых и других биомолекул), по своей сути, представляет собой, ничто иное, как те управляющие информационные потоки и сети, которые осуществляют циклическую передачу информации с целью организации процессов управления, регулирования и контроля химических превращений и реализации различных молекулярных био-логических функций. Соответствие молекулярных кодов в живых системах строится по принципу их структурной (стерической) и химической комплементарности, то есть на основе взаимодополняемости их связей, структур и функций.

Важно подчеркнуть, что именно такое матрично-кодовое соответствие является базовой основой информационных передач и взаимодействий в живых молекулярных системах [3]. В силу этих обстоятельств, при управлении клеточными процессами решаемая задача всегда разбивается не только на ряд простых, последовательно выполняемых элементарных шагов, но и на множество параллельных шагов, которые практически выполняются одновременно. Примером параллельного решения задач управления может служить параллельная работа многочисленных биопроцессорных единиц (рибосом) аппарата трансляции. Важной особенностью клеточных процессов является также их специализированное распределение по различным отсекам и компартментам. То есть для различных по своему характеру химических реакций существуют различные операционные блоки. Для доставки биологических молекул, а, следовательно, и молекулярной информации, в живой клетке имеются обширные сети коммуникационных (транспортных) систем.

Таким образом, общий подход к решению биологических задач в клетке в определенной мере напоминает не только работу, но и структурную организацию технических мультипроцессорных систем управления. Этот факт лишний раз напоминает нам об информационной сущности биологической формы движения материи. Живая клетка является той системой, посредством которой осуществляется поступательное движение, непрерывность и вечность жизни. Эти процессы, как известно, обеспечиваются наследственной информацией. Несмотря на многочисленные внешние различия, клетки разных типов обладают поразительным сходством. К примеру, все клетки пользуются одним и тем же молекулярным алфавитом и типовой структурной организацией управляющих и управляемых систем. Кроме того, в любых клетках все информационные массивы ДНК подчинены одной и той же цели – формированию структурной, информационной и функциональной организации живой системы, её развитию и воспроизведению.

В структурах живой клетки мы не найдем привычной начинки информационных технических систем с четким разделением материальных и программных средств. В клетках функционируют только те программируемые биологические макромолекулы, структуры и компоненты, которые после “биосинтеза” сами по себе становятся материально-энергетическими и программно-аппаратными средствами управления. Все они встраиваются в общую управляющую систему для выполнения тех или иных биологических функций и информационных операций! Благодаря этому, биомолекулы и структуры клетки всё время находятся в процессе постоянного и непрерывного движения, обновления, расщепления и информационного взаимодействия друг с другом, который и называется жизнью. Отсюда, как следствие, вытекает и тот факт, что все клеточные процессы управляются, регулируются и взаимно координируются той программной информацией, которая в данное время загружена в аппаратную систему клетки, то есть, перенесена и находится в функциональных биомолекулах и структурах клетки!

Таким образом, клеточная система управления и её выходное управляющее звено (ферменты, белки и другие функциональные биомолекулы), руководствуясь загруженной в их структуры программной информацией, осуществляют “автоматизированное” управление всеми метаболическими путями и клеточными процессами. Причем, если биохимики относятся к ним как к процессам чисто химическим, то управляющая система клетки их явно воспринимает как процессы информационные. В связи с этим, очевидно, что главной задачей программных средств, применяемых в живых клетках, является обеспечение оперативного взаимодействия выходного звена управления (ферментов, белков и т. д.) с различного рода объектами управления (субстратами). Любопытно, что для рассмотрения клеточного метаболизма существуют подробные карты метаболических путей.

К сожалению, в этих картах, как правило, среди множества биохимических деталей, трудно понять природу и принципы организации химических превращений. Кроме того, здесь практически не отражена ключевая роль информационных управляющих процессов. Известно, что в технике, для объяснения общих принципов работы информационных систем управления, применяются свои специфические понятия и термины, структурные или функциональные схемы. Информационные процессы в клетке и в технических системах имеют общее назначение и во многом сходны. Так как живая клетка является сложной информационной системой, то для рассмотрения общих принципов её организации, так же как и для объяснения причин её функционирования, можно составить и применить такого рода структурную схему. Однако даже самая упрощенная схема самой простой клетки указывает на крайне высокую сложность её структурной и функциональной организации. Систематизируя отдельные информационные фрагменты и известные факты, в чем-то их переосмысливая, автор статьи сконструировал подобную схему и назвал её: “Информационное управление клеточными процессами. Структурная схема”. (Прилагается в конце статьи, с. 27).

Структурная схема информационных процессов и сопряженных с ними процессов биохимических должна облегчить понимание биологической сущности живого состояния и показать важнейшие условия, необходимые для поддержания жизнедеятельности любых клеток. А приведенный материал в данной работе должен помочь понять информационную основу биологических процессов. Предлагаемая схема удобна тем, что в ней четко просматриваются важнейшие информационные принципы организации живой клетки, указаны направления потоков управляющей и сигнальной (осведомляющей) информации. Такого рода схема показывает, что управляющую систему и метаболизм живой клетки можно наглядно представить в виде нескольких отдельных операционных (функциональных) блоков.

**5. О структурной схеме.**

Живая клетка является элементарной самоуправляемой биологической единицей. Она относится к информационной управляющей и открытой биохимической системе, извлекающей свободную энергию и сырьевые ресурсы из окружающей среды. Основой её организации является информационная молекулярно-биологическая система управления. Управляющая система клетки содержит все необходимые узлы, устройства и компоненты, которые служат для хранения, передачи, переработки и использования генетической информации в различных биологических процессах (см. структурную схему).

Процесс управления в сложных технических устройствах и в живой клетке, в определённой мере, выполняет одни и те же задачи, хотя есть и существенные различия в информационных субстратах и в организации самих информационных процессов. Кроме того, если информация в технических устройствах есть функция аппаратной системы, то в живых клетках чаще всего наоборот, – информационные сообщения сами являются базовой основой построения или реорганизации аппаратной системы клетки (белков, ферментов и других функциональных устройств). Сердцем управляющей системы живой клетки являются генетическая память и локальные биопроцессорные контуры управления, находящиеся, как в цитоплазме клетки – трансляционный аппарат, так и биопроцессорные системы верхнего уровня, находящиеся в клеточном ядре – транскрипционный аппарат.

Живая клетка как элементарная основа жизни является не только центром “автоматизированной” переработки вещества, энергии и информации, но и объектом постоянной реконструкции её компонентов, надмолекулярных ансамблей и органелл. Она является центром синтеза и распада различных биологических макромолекул и структур. Причем, и это важно отметить, – все биологические функции и химические процессы в клетке поддерживаются и осуществляются только под руководством генетической информации. Следовательно, живая клетка самоуправляется и “реконструируется” информационным путём. Это удивительное свойство является основным фактором, определяющим движение клетки по пути клеточных циклов развития и самовоспроизведения.

Как видно из структурной схемы, клетка состоит из двух основных взаимозависимых и взаимосвязанных подсистем: из информационной управляющей (матричные процессы) и управляемой биохимической (ступенчатые процессы). Живая клетка является мультипроцессорной системой, она состоит из нескольких функциональных биопроцессорных блоков:

1) ядерных биопроцессорных блоков управления верхнего уровня (генетическая память, транскрипционный аппарат, устройства управления, блоки процессинга и каналы ввода/вывода);

2) цитоплазматических молекулярных биопроцессорных блоков управления (оперативная память РНК, трансляционный аппарат, устройство управления, блоки конформационного преобразования и процессинга);

3) выходного управляющего звена (ферментов и других клеточных белков), функционирующих во всех биопроцессорных системах и операционных блоках катаболизма, амфиболических путей, синтеза элементной базы и блока синтеза различных макромолекул клетки (белков, компонентов мембран и органелл и т. п.)

Именно в этих операционных блоках осуществляется управление ступенчатыми химическими реакциями клеточного метаболизма [6].

**6. Генетическая память.**

Хранилищем и источником наследственной информации в каждой живой клетке является ДНК хромосом. Генетическая память, как долговременное запоминающее устройство, служит для длительного хранения данных и программ. Однако, естественно, всегда надо помнить, что генетическая память хромосом – это понятие несравненно более обширное и более грандиозное, чем, к примеру, память компьютерная. К этой многосложной молекулярной структуре, отождествляющей “спираль жизни”, нельзя относиться без особого уважения и благоговения.

Генетическая память обладает феноменальными информационными возможностями. И, действительно, в последовательности оснований внутри двойной спирали ДНК закодирована вся необходимая информация для осуществления жизнедеятельности, развития и самовоспроизведения живой системы. Генетическая память имеет: операционную систему; полный набор программных средств для обслуживания ступенчатых процессов катаболизма и энергетического обеспечения; программные средства для обслуживания процессов биосинтеза молекул, систем репарации ДНК, аппаратных устройств ввода молекулярной информации питательных веществ и вывода конечных продуктов обмена веществ и т. д.

Генетическая память живой клетки имеет пакет программ, кодирующих и программирующих молекулярные средства и механизмы самовоспроизведения, которые начинают синтезироваться и действовать строго в соответствии с общей программой развития. А программирование самой генетической памяти осуществляется особым репликативным аппаратом живой клетки в S-период её развития, и дочерние клетки получают полный дубликат генетического материала. Этот аппарат является молекулярной биопроцессорной системой репликации.

Программное обеспечение клетки – это важнейший проблемный вопрос молекулярной биологической информатики. В генетической памяти хранится множество пакетов программ, обеспечивающих те или иные биологические функции и процессы. Поэтому “автоматизированное” управление процессами решения различных биологических задач в живой системе осуществляется на основе принципа программного управления. Для программной переработки генетической информации широко применяется принцип микропрограммного управления, когда выполнение одной биологической операции (например, в процессах репликации, транскрипции или трансляции), распадается на последовательность отдельных элементарных операций. А главной задачей программных средств, используемых в живых клетках, является обеспечение оперативного взаимодействия управляющей системы с молекулярными объектами управления (субстратами). Причем, ключ к решению биологических задач, с помощью управляющей системы, лежит не в переборе вариантов при поиске решений.

Программы, загруженные в структуру белковых и других биомолекул, реализуют стереохимические принципы узнавания и динамического взаимодействия, которые гарантируют точность матричного спаривания биологических молекул и проверку их на комплементарное соответствие друг другу. То есть в процессе взаимодействия биомолекул широко используются принципы обратной связи. Этим достигается не только повышенная помехоустойчивость при прохождении управляющей информации, но и высокая достоверность передачи сообщений. В свете рассмотренных идей (молекулярной биохимической логики и информатики), становятся понятными и механизмы организации доступа к информации генетической памяти. Хромосомы ядра, благодаря присутствию в них структурных и регуляторных белков, а также “малых” двухцепочечных РНК, являются чрезвычайно активными динамическими компонентами клетки. Гибкость ДНК в составе хромосом позволяет регуляторным белкам и РНК информационно связываться с различными её участками и влиять на транскрипцию генов. При этом каждый из этих управляющих белков и “малых” РНК, благодаря загруженной в их структуру информации и своим стереохимическим кодовым компонентам, – четко знает свою функциональную роль.

Согласованность действия различных управляющих, а также регуляторных белков и “малых” РНК достигается за счет генетической информации, которая заранее была загружена в их структуру. А загруженные в их структуру программы являются составляющими того пакета программ, который предназначен как для организации автоматического доступа к генам ДНК, так и для управления и регуляции процессами транскрипции генетического материала. В силу этих обстоятельств отдельные домены хроматина в хромосомах в процессе функционирования разворачиваются, а после окончания считывания информации с генов ДНК вновь упаковываются. Поэтому сами хромосомы представляют собой активные динамические структуры, в разных участках которых идут процессы считывания информации с ДНК.

Доступ к генетической памяти основан на тех же правилах информационного стереохимического управления и тех же принципах динамического взаимодействия биологических молекул друг с другом, которые являются основой управляющих био-логических процессов в живой клетке [6]. Нам остаётся лишь научиться расшифровывать и понимать эту информацию.

**7. Операционная система клетки.**

Важно отметить, что живая клетка, точно так же как и любая другая система для “автоматизированной” переработки информации, имеет свою “операционную систему” – набор программ, который формирует, организует и приводит в действие многие аппаратные и программные ресурсы живой клетки. В первую очередь, операционная система клетки обеспечивает построение и функционирование основных компонентов молекулярных биопроцессорных систем – транскрипционного и трансляционного аппаратов. То есть тех средств, которые предоставляют услуги для выполнения различных клеточных программ.

Операционная система – это совокупность важнейших программ, предназначенных для управления процессами считывания генетической информации и трансляции (перевода) текста программ с языка нуклеиновых кислот на аминокислотный язык белковых молекул, то есть, в конечном итоге, на стереохимический язык трёхмерных биомолекул и структур. Значит, операционная система клетки содержит встроенные функции перекодировки информации из одной системы её кодирования в другую. А для перевода закодированных сообщений используются свои программы-переводчики. Поэтому, можно сказать, что операционная система состоит из набора отдельных транскрибирующих и транслирующих программ, обеспечивающих как построение, программирование, так и функциональное поведение основных биопроцессорных комплексов живой клетки. Определённые группы генов кодируют и программируют синтез рибосомных и транспортных РНК, другие группы генов (программ) контролируют биосинтез белков и ферментов, обеспечивающих работу транскрипционного и трансляционного аппаратов (биопроцессорных систем).

В структурной схеме операционная система представлена соответствующим участком генетической памяти, своими ядерными биопроцессорными устройствами (транскрипционный аппарат, блок процессинга и каналы ввода/вывода операционной системы), которые кодируют и программируют синтез рибосомных, транспортных и информационных РНК системы. Далее иРНК, в качестве биомолекул оперативной памяти поступает в операционный блок биопроцессорной системы трансляции (см. в левой части структурной схемы), где осуществляется кодирование и программирование белков и ферментов, которые обеспечивают работу транскрипционного и трансляционного аппаратов клетки.

Таким образом, операционная система создаёт и предоставляет аппаратные средства и функциональные услуги для выполнения всех генетических программ живой клетки! Она контролирует проявление всех структурных генов клетки и соответственно является одним из основных факторов клеточной интеграции [6]. Причем, необходимо обратить внимание на сложность информационных процессов, протекающих в живой клетке, которая обусловлена тем, что многочисленные типовые молекулярные биопроцессорные единицы (например, рибосомы) параллельно работают не только с большим числом программ сразу, но и одновременно находятся в различных по назначению управляющих блоках. Если взглянуть на структурную схему, то там, для наглядности, управляющие биопроцессорные блоки распределены по разным управляющим системам.

8. Молекулярные биопроцессорные системы для микропрограммной обработки генетической информации.

Гены служат только для хранения информации, поэтому её необходимо сначала считывать, а затем определённым образом перерабатывать с тем, чтобы получить форму, приспособленную для непосредственного применения в различных биологических процессах. Вот для этой цели в клетке и применяются аппаратные средства транскрипции и трансляции, которые представляют собой ничто иное, как молекулярные системы для микропрограммной переработки генетической информации. Поэтому фактически каждая живая клетка для микропрограммной обработки генетической информации применяет такие аппаратные устройства, которые с кибернетической точки зрения вполне эквивалентны молекулярным биологическим процессорам.

Известно, что ДНК и РНК живой клетки построены из типовых мономерных звеньев – нуклеотидов. Однако между этими двумя нуклеиновыми кислотами имеются существенные структурные и функциональные различия, которые и привели к появлению в живой клетке особой молекулярной биопроцессорной системы, которая предназначена для считывания информации с ДНК-матрицы и переноса её на структуру РНК. “Этот процесс носит название транскрипции (переписывания). При этом часть двойной спирали ДНК раскручивается, и вдоль одной из её цепей движется особый фермент, который выстраивает нуклеотидные мономеры РНК против их партнёров на цепи ДНК и соединяет эти мономеры друг с другом, так что образуется длинная цепь РНК. На ДНК-матрице образуется три типа РНК: информационная (иРНК), транспортная (тРНК) и рибосомная (рРНК)” [7].

Вспомним, генетическая информация кодируется в виде последовательности нуклеотидов ДНК, – значит, все программы ДНК записаны и хранятся на линейном языке ДНК, а переписываются (транскрибируются) они на “линейную” последовательность нуклеиновых кислот РНК. Известно, что первичный транскрипт РНК в клетках эукариот – это точная копия гена, содержащая как экзоны (кодирующие последовательности транскрипта), так и интроны (некодирующие последовательности), которые должны быть удалены. В блоке процессинга “последовательности интронов вырезаются из середины транскрипта РНК, в результате чего образуется молекула иРНК, непосредственно кодирующая белок. Поскольку кодирующие последовательности с обеих сторон интрона после его удаления соединяются друг с другом, эту реакцию назвали сплайсингом РНК. Сплайсинг РНК протекает в клеточном ядре вдали от рибосом, и РНК переносится в цитоплазму только после завершения этого процесса” [8].

Процесс вырезания интронов и сплайсинг РНК (в операционном блоке процессинга) относится к малоисследованным информационным процессам. Таким образом, задача по считыванию генетической информации в оперативную память структуры РНК решается путем выполнения отдельных микроопераций строго в соответствии с программой того участка ДНК, который определяется структурным геном. А сама генетическая память, транскрипционный аппарат, блок процессинга и каналы ввода/вывода информации представляют собой такое множество сложных молекулярных устройств, совокупность которых действительно представляет собой ядерную биопроцессорную систему управления.

Результатом работы транскрипционной процессорной системы является формирование транспортных и рибосомных РНК, и главное, – загрузка в оперативную память иРНК структурной и программной информации, которая необходима для выполнения различных биологических функций живой клетки. Поэтому основной смысл действия ядерных биопроцессорных систем транскрипции сводится к тому, чтобы передать программную информацию ДНК в оперативную память структуры РНК.

Так происходит считывание генетической информации и передача её к другой биопроцессорной системе для трансляции. В виде информационной РНК, которая в клеточной системе выполняет роль оперативной памяти, генетические программы по синтезу полипептидных цепей передаются к белоксинтезирующему аппарату клетки, то есть к рибосомам. Отметим, что все биопроцессорные системы трансляции генетической информации действуют по одному и тому же принципу, хотя и задействованы в различных управляющих блоках, которые указаны в структурной схеме (блоки катаболизма, биосинтеза элементной базы или биосинтеза различных макромолекул клетки). Разница заключается в различном программном обеспечении иРНК этих блоков.

Далее, в цитоплазме, программная информация переводится (транслируется) с оперативной памяти линейных цепей иРНК на полипептидные цепи белковых молекул. Этот этап характеризуется применением генетического кода и сменой молекулярного носителя информации, когда с помощью молекулярного аппарата трансляции и аминокислотной системы элементов строятся и программируются линейные структуры различных ферментов и других клеточных белков.

Кратко рассмотрим принцип работы молекулярной биопроцессорной системы трансляции (трансляционный аппарат). Основным компонентом типовой биопроцессорной единицы является рибосома. Важная регулирующая роль в синтезе белка помимо иРНК принадлежит тРНК. С помощью специального фермента аминоацил-тРНК-синтетазы тРНК присоединяет на одном из своих концов молекулу соответствующей аминокислоты, в результате чего возникает комплекс аминоацил-тРНК. тРНК при участии белковых факторов устройства управления и энергии гуанозинтрифосфата (ГТФ) доставляет аминокислоту в рибосому для включения ее в растущий полипептид. С помощью своего антикодона тРНК информационно взаимодействует с комплементарным ему кодоном иРНК. Благодаря этой функции тРНК дешифрует генетический код в иРНК-матрице и переводит его в биологический код аминокислотной последовательности белка. Таким образом, обеспечивается необходимая последовательность микроопераций включения аминокислот в синтезируемую полипептидную цепь, строго в соответствии с микропрограммой заданной иРНК. Поэтому функционирование биопроцессорной единицы (рибосомы) в основном состоит из повторяющихся рабочих циклов, каждый из которых соответствует выполнению одной микрокоманды программы иРНК.

Рабочий цикл содержит в общем случае последовательность определенных этапов, которые наглядно отражены в соответствующей биологической литературе. Сама рибосома, в частности, обладает каталитической функцией, ответственной за образование пептидных связей в цепи белка. Как мы видим, иРНК в биопроцессоре играет роль матричного модуля оперативной памяти, несущего микропрограмму преобразования генетической информации в структурную и функциональную информацию полипептидной цепи белка.

Следовательно, задача по преобразованию генетической информации в линейную структуру белка решается путем выполнения отдельных элементарных микроопераций строго в соответствии с заданной микропрограммой, которая заранее была загружена в оперативную память структуры иРНК. При этом системой реализующей процесс трансляции с известными стадиями инициации, элонгации и терминации является молекулярный биологический процессор. Так как молекулярные биопроцессорные единицы (рибосомы) трансляционного аппарата локально рассредоточены по различным блокам и компартментам, то клеточная система управления процессами строится в виде набора единичных процессоров, для которых, как правило, предусматривается своя локальная оперативная память в виде иРНК. Множество подобных молекулярных процессорных единиц обычно соединяются каналами связи, образуя сеть.

Итак, все ядерные биопроцессорные системы различных управляющих систем (катаболизма, биосинтеза элементной базы, биосинтеза макромолекул клетки и т. д., см. структурную схему) обеспечивают транскрипцию (считывание) программной информации с соответствующих участков структуры ДНК и осуществляют загрузку и размещение её в оперативной памяти структур РНК. Далее программная информация оперативной памяти иРНК становится основой работы биопроцессорных систем трансляции, то есть служит для перевода текста программ с языка нуклеиновых кислот на полипептидный язык белковых молекул. При этом осуществляется не только перевод программы с одного языка на другой, но и загрузка программ и данных в структуру белковых молекул. Таким образом, осуществляется перекодирование информации, записанной генетическим кодом и перевод её в программную информацию, записанную кодом аминокислотным.

Заметим, что смена молекулярных носителей обычно сопряжена с процессами кодирования и декодирования информации. К примеру, аминокислотные цепи белков, с одной стороны, являются конечным продуктом процесса декодирования генетической информации, а с другой – они же являются начальным процессом кодирования стереохимической организации белковых молекул с помощью аминокислотного кода. Причем, если генетический код служит для переноса и трансляции генетической программной информации на “линейную” структуру белка, то аминокислотный код является тем молекулярным кодом, с помощью которого осуществляется сначала преобразование, а затем, и, через деятельность белков, – воплощение и реализация генетической информации. Очевидно, что генетическим кодом кодируется только первичная, – “линейная” структура полипептидной цепи. Однако “конкретная конформация (вторичная, третичная и четвертичная структуры) любого белка полностью определяется первичной структурой входящих в его состав полипептидных цепей и зависит от химических свойств боковых групп аминокислотных остатков” [9].

Следовательно, вторичная, третичная и четвертичная структуры белковых молекул кодируются и программируются уже другим молекулярным кодом – аминокислотным. В результате конформационных преобразований и процессинга макромолекула фермента (белка) формирует характерную трехмерную конформацию со своими стереохимическими кодами и, в связи с этим, приобретает свой информационно-кибернетический статус. Весь ход процессинга и адресной доставки фермента в соответствующий операционный блок осуществляется в виде отдельных операций манипуляторами устройства управления, точно в соответствии с кодовыми компонентами белка.

Каждый фермент или другой белок клетки по своим индивидуальным кодам адресации доставляется в свой операционный блок. В операционном блоке, точно в соответствии с функциональным адресным кодом и кодом каталитической операции фермент, действуя как молекулярный биологический автомат, выполняет определенный тип химической реакции. Процесс рецепции информации подлинного субстрата, осуществляемый активным центром фермента, вызывает конформационные изменения в фермент-субстратном комплексе, при которых кодовые химические группы фермента и молекулы субстрата занимают самое оптимальное положение для прохождения каталитической операции.

Важно отметить, что подключение объекта управления (молекулы субстрата), через кодовый стереохимический контакт комплементарного сопряжения, ведёт к индукции электронно-конформационного возбуждения фермент-субстратного комплекса. Присоединение подлинного субстрата сначала ведёт к переброске электронов и протонов между ферментом и молекулой субстрата, усилению электронной перестройки вдоль сопряженной системы связей, что соответственно приводит к возбуждению фермент-субстратного комплекса и, как итог, благодаря подвижным водородным связям, ведёт к динамическим конформационным сдвигам и срабатыванию “силового молекулярного привода” аппарата химического катализа фермента.

Эти механизмы обеспечивают ферменту не только химическую, но и динамическую реактивность и, как результат, – автоматический режим его работы. Возникшие конформационные изменения в фермент-субстратном комплексе сопровождаются разрывом или образованием химических связей субстрата, которые происходят с высвобождением или затратой энергии. В случае необходимости эти процессы поддерживаются химической энергией в форме АТФ. Быстрому протеканию ферментативной реакции способствует высокая химическая и динамическая реактивность фермента.

Высокая химическая реактивность обеспечивается режимом полифункционального катализа, когда на превращаемую химическую связь субстрата одновременно действует стереохимическая комбинация различных каталитически активных химических группировок активного центра (код операции) фермента. Интересным фактом здесь является то, что белковые молекулы стереохимическим способом решают сразу две задачи, – информационной коммуникации и полифункционального катализа.

Динамическая реактивность фермента, при взаимодействии фермента с субстратом, создаёт напряжение, то есть ориентирует и фиксирует взаимодействующие химические группы таким образом, что это создаёт механическую составляющую, которая снижает энергию активации и способствует эффективному прохождению реакции.

Можно считать, что, в рамках сделанных допущений, информационная модель описывает процесс управления химической реакции, ведущий к образованию продуктов реакции. Образование продуктов реакции сопровождается нарушением их физико-химического соответствия управляющим кодовым компонентам фермента, а это приводит к возврату фермента в исходное состояние. Фермент, как взведённая пружина, возвращаясь в исходное состояние, способствует выбросу продуктов реакции из активного центра. Если фермент является аллостерическим, то на него могут воздействовать регуляторные молекулы обратных связей, влияя, таким образом, на ход химической реакции. Так происходит реализация управляющей генетической информации [2].

Заметим также, что клеточная система сразу же получает информацию о ходе управляемых процессов в виде стереохимических кодов продуктов реакции, которые становятся субстратами для других ферментов или выступают в роли молекул обратной связи. Сигнальная (осведомляющая) информация субстратов служит для информирования управляющей системы о состоянии управляемых объектов, о ходе реакций, об эффективности протекающих процессов и т. д. Отличительной особенностью белков клетки является их способность адекватно и сходным образом отвечать на довольно слабые информационные воздействия, достаточно мощными обратимыми конформационными изменениями. В этом, видимо, и заключается основа и сущность их биологической активности.

Способность белка индуцировано возбуждаться и адекватно отвечать на сигнальную информацию изменением своей конформации является специфической особенностью. Конформация фермента меняется при взаимодействии его с субстратом, молекула гемоглобина – при соединении с кислородом, конформационные изменения обеспечивают функционирование сократительных белков и т. д.

Способность ферментов и других белков клетки автоматически отвечать на слабые информационные воздействия, довольно мощными обратимыми конформационными изменениями, используется клеткой практически для всех биологических функций. А этап фермент-субстратного взаимодействия является заключительным фрагментом биокибернетического управления. По всей вероятности, это и есть те, пока недостающие и разыскиваемые фрагменты информационного управления, указывающие на единство процессов управления и информации в каждой живой клетке! Известно также, что некоторые ферменты и белки программно объединяются между собой или с молекулами РНК в агрегатированные автоматы и становятся способными к выполнению сложнейших биологических функций. К молекулярным агрегатам такого рода можно отнести ДНК и РНК-полимеразы, рибосомы, АТФ-синтетазу и т. д.

Здесь мы рассмотрели работу управляющей подсистемы клетки, действие которой непосредственно связано с программной информацией генетической памяти. Очевидно, что нет никаких причин сомневаться в информационной основе рассмотренных выше процессов управления. Теперь нам важно понять сущность управляемых клеточных процессов и убедиться в том, что, несмотря на химическую основу, они также носят информационный характер!

**9. Информационная основа управляемых процессов.**

Одна из отличительных особенностей клеточной системы управления заключается в том, что она информационно взаимодействует с молекулярными объектами управления. Вспомним, – все объекты управления (субстраты), точно так же, как и сама система управления, состоят не только из типовых био-логических элементов (и химических знаков), но и построены по одним и тем же типовым закономерностям. Этот факт позволяет живой клетке не только осуществлять управление превращениями субстратов (или пищевых продуктов), но и осуществлять самоуправление своими же биологическими компонентами.

Очевидно, что все биохимические элементы, а значит и биомолекулы клетки (в том числе и молекулы субстратов), обладают разными типовыми функциональными и боковыми группами, атомами и их химическими связями, которые свободно узнаются и тестируются соответствующими ферментами. Боковые и функциональные атомные группы, атомы и их химические связи – это и есть те опознавательные знаки, благодаря которым управляющая система легко может идентифицировать любой био-логический элемент клетки. Поэтому в живой клетке, кроме молекулярного алфавита различных элементов, существует ещё и свой химический алфавит типовых атомных групп и атомов, манипулируя которыми управляющая система может осуществлять их движение от одного элемента к другому (а, значит, и между молекулами). Поэтому, циркуляция атомных групп и атомов определяет свою субмолекулярную форму движения информации, которая в живой клетке организована в виде управляемых ступенчатых химических реакций! [6].

Таким образом, информационные процессы в живой клетке практически затрагивают не только молекулярный уровень организации, но и, что удивительно, субмолекулярный – атомный! Однако следует отметить, – если целостные элементы в основном служат для организации самих аппаратных устройств и управляющих процессов клетки, то отдельные химические знаки используются не только в качестве информационных сигналов для организации управляемых химических процессов, но применяются и для построения или реорганизации (перекодировки) самих био-логических элементов. В связи с этим, управляющая система клетки, в целом, способна манипулировать различными химическими буквами, символами и знаками, которым предписан определённый биологический и информационный смысл [3].

Очевидно, что все управляемые процессы представляют собой ничто иное, как те ступенчатые химические реакции, которые определяют пути клеточного метаболизма. Только, в ступенчатых химических реакциях различные ферменты способны манипулировать отдельными химическими знаками био-логических элементов. Эта способность управляющей системы основана на том, что при фермент-субстратных взаимодействиях, адресные и операционные коды определенных ферментов соответствуют тем или иным боковым или функциональным атомным группам или атомам и их химическим связям.

Значит, молекулярные коды соответствий, и средства их передачи существуют не только для важнейших систем био-логических элементов – нуклеотидов и аминокислот. Они существуют для любых мономеров и их химических знаков. А одинаковые кодовые комбинации элементов и их боковых атомных групп в активных центрах ферментов всегда воспринимаются конкретной клеткой как одна и та же (эквивалентная) информация, реализуемая в одних и тех же действиях. Очевидно, что для информационного манипулирования различными химическими буквами, символами и знаками живая клетка применяет свои специфические химические или стереохимические молекулярные коды. Специалистам лишь следует научиться их правильно выявлять и идентифицировать.

Кодовые компоненты активных центров ферментов могут специфически (стереохимически и комплементарно) взаимодействовать с доступными для них атомными группами и химическими связями биомолекул (субстратов). Поэтому все субстраты для своих ферментов являются сигнальными молекулами, несущими осведомляющую стереохимическую информацию! На этом основана молекулярная биохимическая логика информационных взаимодействий между ферментами и их субстратами.

В ходе каждой химической реакции, которая управляется своим ферментом, обычно происходит лишь небольшое химическое изменение, например, удаление, перенос или присоединение какого-нибудь атома, боковой или функциональной группы или отдельного биохимического элемента. Иными словами, часть выходного звена управляющего аппарата должна координировать в пространстве и во времени совокупность огромного числа ступенчатых реакций: окисления, восстановления, расщепления, межмолекулярного переноса атомных групп и т. д. Поэтому в качестве объектов управления в клетке могут выступать как отдельные био-логические элементы (нуклеотиды, аминокислоты, простые сахара и жирные кислоты), так и различные биологические молекулы, состоящие из этих элементов, – то есть многочисленные молекулы субстратов.

Каждый объект управления (субстрат) является носителем в “законсервированном” (статическом) виде определённой структурной биологической информации и химической энергии, накопленной в его химических связях. Поэтому все органические питательные вещества, поступающие в живую систему, представляют собой молекулярные информационно-энергетические субстраты, которые поставляют в клетку необходимые структурные, информационные и энергетические компоненты. И всё это клетка получает в результате информационной переработки субстратов (данных). Благодаря стереохимической форме представления информации, сигнальными элементами субстратов для управляющей системы являются лишь те элементы, к которым она в данный момент имеет доступ. Другие же сигнальные элементы (буквы, символы или знаки) временно маскируются в трёхмерной структуре субстрата.

Поэтому информационное преобразование молекулы субстрата, при обработке её различными ферментами, осуществляется последовательно, шаг за шагом (программно), в виде отдельных единичных каталитических операций. Таким образом, все биологические процессы управления и химического превращения веществ в клетке сопряжены с процессами преобразования, как управляющей, так и осведомляющей молекулярной информации. Поскольку каждый фермент способен управлять лишь какую-то одну цепь реакций данного соединения, не влияя на другие возможные реакции, то в отдельно взятом компартменте (операционном блоке) одновременно может протекать множество различных химических реакций.

В связи с этим, можно сделать заключение о том, что других специальных механизмов синхронизирующих работу белков и ферментов, по-видимому, не требуется (кроме сигналов обратных связей или изменения физических и химических факторов микросреды).

**10. Операционные блоки ступенчатых процессов.**

Ступенчатые биохимические процессы – это деградация или синтез различных простых органических соединений. Это именно тот, программно управляемый биохимический “генератор жизни”, который осуществляет вечное движение органического вещества и энергии и поддерживает баланс разрушительных и созидательных процессов в живой клетке. Очевидно, что управляющая система клетки, по свому назначению, является той информационной системой, которая служит для управления молекулярными биологическими объектами (субстратами). На структурной схеме показаны операционные блоки катаболических и амфиболических (центральных) путей. Важнейшие из них – гликолиз, b -окисление жирных кислот, цикл трикарбоновых кислот и пути распада аминокислот обеспечивают поступление электронов и протонов в электрон-транспортную систему и образование углеродсодержащих соединений (около десяти веществ).

Как видно из структурной схемы, каждый операционный блок содержит свою управляющую и управляемую части. Поступление в блок молекулярных автоматов или манипуляторов – выходного звена управления биопроцессоров, показано жирными черными стрелками. Управляемые потоки вещества, тождественно представляющие потоки сигнальной (осведомляющей) информации субстратов, показаны в виде серых стрелок. Каждый операционный блок предназначен для переработки своей субстратной информации, или, с точки зрения биохимии, для осуществления определенных биохимических реакций. К примеру, блок амфиболических путей обеспечивает не только поступление в блок синтеза элементной базы соответствующих углеродсодержащих соединений, но и осуществляет энергообеспечение живой клетки в форме АТФ. “Благодаря разной локализации ферментов катаболизма и анаболизма эти противоположные метаболические процессы протекают в клетке одновременно. Их связывают центральные, или амфиболические процессы. Примером служит цикл трикарбоновых кислот. Тесная связь между анаболизмом и катаболизмом проявляется на трех уровнях:

1) на уровне источников углерода: продукты катаболизма могут быть исходными субстратами анаболических реакций;

2) на энергетическом уровне: в процессе катаболизма образуются АТФ и другие высокоэнергетические соединения; анаболические процессы протекают с их потреблением; 3) на уровне восстановительных эквивалентов: реакции катаболизма являются в основном окислительными; процессы анаболизма, наоборот, потребляют восстановительные эквиваленты” [10].

Все ступенчатые процессы находятся под генетическим контролем. Сотни протекающих в операционных блоках химических реакций программно организованы с помощью ферментов – молекулярных автоматов, в виде множества различных последовательностей идущих друг за другом операций (реакций). В блоке синтеза молекулярной элементной базы с использованием предшественников идут управляемые процессы биосинтеза аминокислот, нуклеотидов, простых сахаров и жирных кислот.

Из структурной схемы видно, что живая клетка способна сама создавать молекулярную элементную базу для построения своих систем или получать ее из внешней среды. Аминокислоты и нуклеотиды в основном используются в матричных процессах биосинтеза белков и нуклеиновых кислот.

В блоке синтеза структурных и функциональных макромолекул клетки под управлением своих программ идут процессы биосинтеза и процессинга сложных макромолекул белков, ферментов, компонентов мембран и органелл и т. п., которые, после транспортировки, войдут составной частью в клеточные ансамбли, и будут работать в разных клеточных структурах. А создаваемые различными биопроцессорными системами информационные компоненты (рРНК, тРНК, иРНК, белки, ферменты т. д.) – это, по существу, и есть тот программно-аппаратный парк, который работает в различных по своему назначению операционных блоках. Живая клетка на любом отрезке своего развития всегда имеет необходимый и достаточный набор программных и программируемых молекулярно-аппаратных средств, необходимый для обеспечения управления всеми своими химическими процессами и биологическими функциями. Поэтому главной задачей генетической памяти состоит в том, чтобы передать необходимые данные и программную информацию биологическим молекулам и структурам клетки. А загруженная в биомолекулы структурная и программная информация является основой их информационного и функционального поведения в общей системе управления живой клетки.

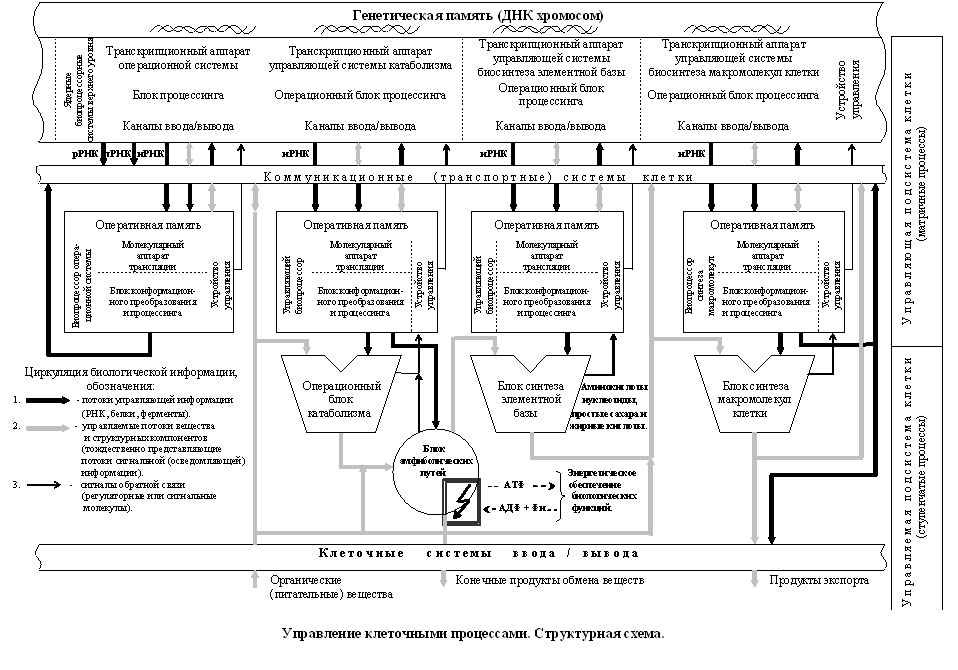
В связи с этим, все белковые и другие биомолекулы клетки представляют собой не только потоки биоорганического вещества, но они же образуют и информационные потоки и сети, контролирующие различные биохимические и молекулярные функции живой клетки (организма). Программирование этих потоков и сетей обеспечивается экспрессией десятков и сотен различных генов, объединённых между собой скоординированными управляющими и регуляторными воздействиями. А если учесть, что различные ферментативные системы, состоящие порой из десятков и сотен ферментов, участвуют в организации множества различных последовательностей идущих друг за другом химических реакций, которые в совокупности составляют клеточный метаболизм, то можно констатировать, что управление химическими процессами и биологическими функциями клетки осуществляется молекулярными информационными потоками и сетями “автоматизированного” управления.

Отсюда, как следствие, вытекает и тот факт, что все клеточные процессы управляются, регулируются и взаимно координируются той программной информацией, которая (с помощью генетической информации и элементной базы) загружена в аппаратную систему клетки, то есть находится в функциональных биомолекулах и структурах клетки! Каждая из управляющих систем клетки (операционная система, управляющие системы катаболизма, биосинтеза элементной базы, биосинтеза макромолекул клетки и т. д.), состоящая из генетической памяти, комплекса локальных биопроцессорных устройств и выходного управляющего звена – молекулярных биологических автоматов и манипуляторов, воспринимает информацию о ходе химических превращений, об эффективности протекающих процессов, об изменении внешних и внутренних физических и химических факторов и, в зависимости от результата, корректирует управляющие воздействия.

Системы запрограммированы на четкое взаимодействие управляющих и управляемых подсистем (и друг с другом), на оптимальное прохождение всех биохимических и энергетических процессов. Живая клетка в любое время имеет необходимый и достаточный набор программных, энергетических и функциональных средств для поддержания и обновления своих структур, обеспечения процессов развития и жизнедеятельности.

В настоящее время накоплен огромнейший экспериментальный и теоретический материал по изучению живой материи, который рассредоточен по различным областям и дисциплинам молекулярных биологических наук.

Теперь уже стало очевидным, что чрезвычайная детализация изучаемых биохимических процессов ведёт только к бесконечной лавине все новых и новых проблем и вопросов. Это не приводит ни к осознанию сущности живой материи, ни к пониманию причин и механизмов её функционирования. По мнению автора статьи, в молекулярной биологии наступила пора переосмысления имеющихся знаний и сведений в пользу новой, альтернативной науки – молекулярной биологической информатики. О необходимости такого шага свидетельствует вся история возникновении и развития жизни на Земле, которая повсеместно связана с наследственной информацией и действующей на её основе универсальной мультипроцессорной молекулярно-биологической системы управления живой клетки.



**Список литературы**

1. А. Ленинджер. Основы биохимии. Пер. с англ. в 3-х томах – М: Мир, 1985.

2. Ю. Я. Калашников. Ферменты и белки живой клетки – это молекулярные биологические автоматы с программным управлением. Дата публикации: 30 июня 2006г., источник: SciTecLibrary.ru; Сайт: , дата публикации: 13.12.2006г.

3. Ю. Я. Калашников. Кодирование и программирование биологических молекул. Дата публикации: 01.01.2007г., источник: http://new-idea.kulichki.com/

4. Ю. Я. Калашников. Единство вещества, энергии и информации – основной принцип существования живой материи. Дата публикации: 30 июня 2006г., источник: SciTecLibrary.ru; Сайт: http://new-idea.kulichki.com/, дата публикации: 07.12.2006г.

5. Ю. Я. Калашников. Аспекты молекулярной биохимической логики и информатики. Дата публикации: 05.12.2006г., источник: http://new-idea.kulichki.com/

6. Ю. Я. Калашников. Концепция информационной молекулярно-биологической системы управления. – М., 2005.–88с. – Депонир. в ВИНИТИ РАН 14.04.05, №505-В2005

7. П. Кемп, К. Армс. Введению в биологию. Пер. с англ. – М: “Мир”, 1988.

8. Б. Альбертс, Д. Брей и другие. Молекулярная биология клетки. Пер. с англ., Том 2 – М: “Мир”, 1994.

9. Ф. Айала, Дж. Кайгер. Современная генетика. Пер. с англ. в 3-х томах – М: Мир, 1988.

10. А. А. Анисимов, А. Н. Леонтьева и др. Основы биохимии. – “Высшая школа”, 1986. Дата публикации: 5 марта 2007