

МАТЕМАТИЧНІ ЗАКОНОМІРНОСТІ УТВОРЕННЯ ВИСОКОЕНЕРГЕТИЧНИХ ФОРМ ОРГАНІЧНИХ МАКРОМОЛЕКУЛ БІОЕНЕРГЕТИКИ

© Николайчук Я.М., Руда Г.Ю., 1998

Карпатський державний центр інформаційних засобів і технологій НАН України

Проведений аналіз методу кодування інформації в макромолекулах біологічних систем. Класифіковані типи кодів та сформульовані теоретичні основи кодування послідовностей макромолекул біоенергетики на основі кодів поля Галуа.

Вивчення методів кодування інформації в біологічних системах, особливо способи кодування генетичної інформації, є актуальною сучасною проблемою світового рівня. Розробка теорії кодування інформації, яку спостерігають вчені в біологічних системах, є важливим чинником розвитку мікробіологічних досліджень. Вона також відкриває можливості застосування таких досконалих способів кодування в практиці побудови інформаційних систем технічного призначення. Особливо це стосується розвитку сучасної перспективної вертикальної інформаційної технології.

ДНК є найважливішою хімічною сполукою, яка в максимально упакованій формі містить закодовану інформацію про ріст, поділ і диференціювання клітин.

Білки — це полімери, побудовані із суміші 20 амінокислот (таблиця).

Будь-який поліпептидний ланцюг характеризується унікальною послідовністю амінокислот, що схематично зображено на рис.1.

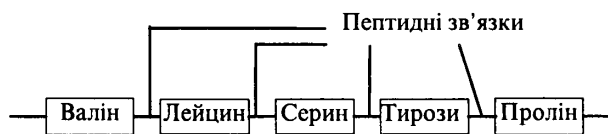


Рис.1. Амінокислоти, будівельні блоки білка.

Довжина ланцюга може змінюватися від 30-40 до більше 2000 амінокислотних залишків [1].

По завершенні синтезу поліпептидного ланцюга, який показаний на рис.2, слабкі хімічні взаємозв'язки між специфічними боковими групами амінокислот змушують його складатися з утворенням унікальної тривимірної структури.

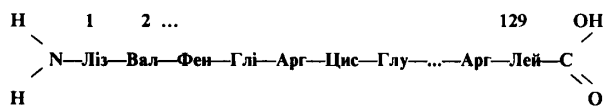


Рис.2. Амінокислотна послідовність одного з білків (лізоциму).

Двадцять амінокислот, які входять у склад білків

Назва	Позначення	Назва	Позначення
Гліцин	Глі	Лізін	Ліз
Аланін	Ала	Аргінін	Арг
Валін	Вал	Аспарагін	Асп
Ізолейцин	Іле	Глутамін	Глн
Лейцин	Лей	Цистеїн	Цис
Серин	Сер	Метіонин	Мет
Треонін	Тре	Триптофан	Три
Пролін	Про	Фенілаланін	Фен
Аспарагінова кислота	Асп	Тирозин	Тир
Глутамінова кислота	Глу	Гістидин	Гіс

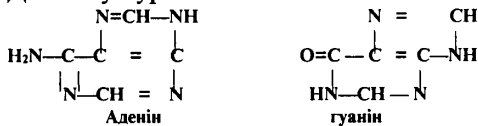
Певні сполучення нуклеотидів і послідовність їх розміщення в молекулі ДНК називається "генетичним кодом" (він несе інформацію про структуру білка). Основна властивість "генетичного коду" (рис.3) — триплетність, тобто коли одній амінокислоті відповідає послідовність з трьох нуклеотидів на м-РНК. Три нуклеотиди називаються кодоном [2].

Дезоксирибонуклеїнова кислота (ДНК) — це біологічний полімер, який складається з двох полінуклеотидних кіл, з'єднаних одне з одним.

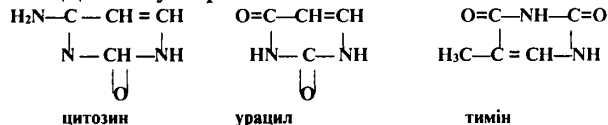
Полінуклеотиди — це лінійні полімери різної довжини із випадковою послідовністю мономерів нуклеотидів — аденіну А, урацилу У, гуаніну Г, цитозину Ц, тиміну Т.

І в ДНК, і в РНК міститься по дві пуринових і дві піримидинових основи.

До класу пуринів належать



До класу піримидинів належать

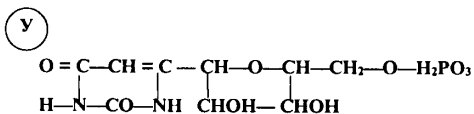


Нуклеотиди зв'язуються один з одним шляхом утворення хімічних зв'язків між фосфатною

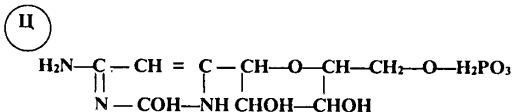
групою одного нуклеотиду і дезоксирибозою сусіднього [3].

Спрощені хімічні формули мономерних ланок РНК-нуклеотидів можна зобразити так:

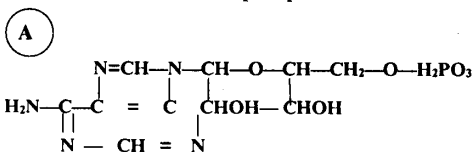
Уридинмонофосфат



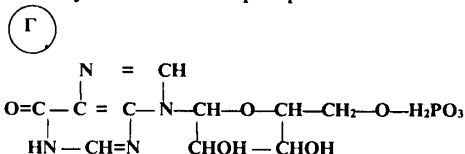
Цитидинмонофосфат



Аденозинмонофосфат

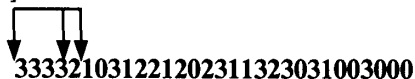


Гуанодинмонофосфат



Нуклеотиди зі складу ДНК відрізняються тим, що в них замість правої нижньої групи ОН стоїть просто Н. Крім того, в ДНК замість уридинового нуклеотиду входить тимидиновий (Т замість У).

Позначимо Т через Т, Ц через С, А через А, Г через G, і введемо цифрові позначення 0—А; 1—С; 2—G; 3—Т. Четвіркові спіральні форми кодів поля Галуа (КПГ) формуються на основі символів 0, 1, 2, 3 згідно з кодовими ключами Галуа [4]:



Спіральну форму четвіркових КПГ одержують аналогічно до інших спіральних кодів розгорткою лінійної послідовності, розміщеної по спіралі твірної циліндра:

2	2	2	2	0	0
3	1	0	3	1	0
3	3	2	1	3	0
3	0	1	1	0	3
3	1	2	3	3	0

Позначивши 0—А; 1—С; 2—G; 3—Т, одержимо ДНК-подібний четвірковий КПГ.

TTTTGCATCGGCGAGTCSCTGTATCAATAAA,

який шляхом згортки у спіраль утворює таку просторову структуру:

G	G	G	G	A	A
T	C	A	T	C	A
T	T	G	C	T	A
T	A	C	C	A	T
T	C	G	T	T	A

Двовимірна досконалість властивостей просторових форм КПГ визначає їх значні коректуючі властивості при виникненні помилок. Цей факт може мати принципове значення в біологічних системах.

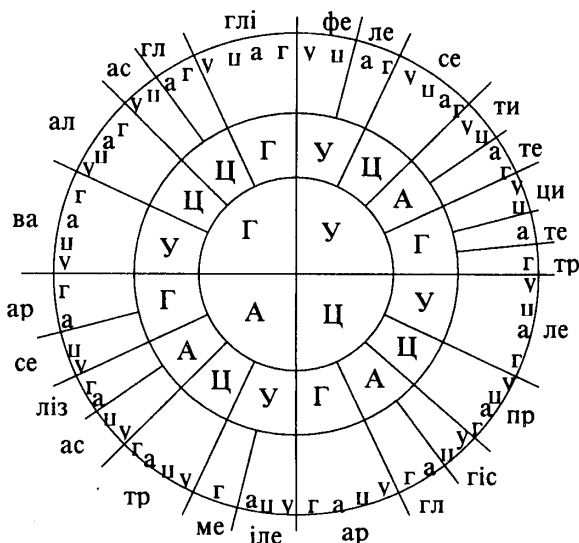


Рис. 3. Генетичний код.

Перша буква кодона розміщена в центральному колі, друга — в першому кільці і третя — в другому. У зовнішньому кільці записані скорочені назви амінокислот. Проведемо заміну: А - 0, Ц - 1, Г - 2, У - 3, одержимо:

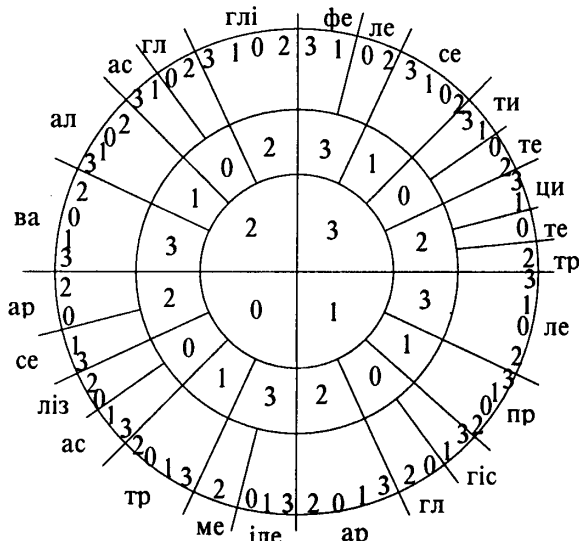
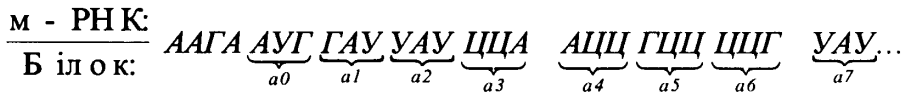


Рис. 4. Четвірковий код амінокислот.

Головне змістове навантаження несе дуплет, який стоїть на початку кодона. Тобто, код є квазидуплетний. Різних дуплетів є всього $4^2=16$. Тому третій нуклеотид у кодоні повинен здійснювати деяке змістове навантаження. Правило виродженості коду: якщо два кодони мають два однакові перші нуклеотиди і їх треті нуклеотиди належать до одного класу



На цій схемі $a0, a1, \dots$ позначають амінокислотні залишки білка. Легко підрахувати, що всього існує $4^3=64$ різних кодони. Доведено, що код триплетний, вироджений, не перекривається і що він містить ініціюючі і термінуючі кодони.

Транскрипцію (переклад генетичного коду з мови ДНК на мову РНК) здійснює фермент РНК-полімераза — вона синтезує РНК на матриці ДНК. Перед зчитуванням послідовності нуклеотидів гена фермент РНК-полімераза повинна впізнавати свій промотор, який передує кожному гену на ДНК (як схематично показано на рис.4) і є регуляторною ділянкою. Після цього даний фермент, переміщаючись вздовж ланцюга ДНК, почне синтез РНК.

Д	Д	...	<	Д	Д	...	Д	>
Промотор				Ген				

Рис. 4. Розміщення промотора та гена в ДНК:
Д — кодони, що складаються з символів А, Т, Г, С;
<, > — символи, які визначають термінуючі кодони АТГ-початок і ТГС-кінець, що обмежують код гена.

Деякими вченими встановлено довжину різних промоторів, наприклад, у бактерій вона становить 50-60 основ. Досліджуючи олігонуклеотиди (фрагменти молекул ДНК, різні за довжиною і будовою), вчені дійшли до висновку, що фермент починає зв'язувати олігонуклеотиди завдовжки не менше ніж дев'ять ланок (менше дев'яти нуклеотидів РНК-полімераза не впізнає). При цьому в суміші "дев'яток" РНК-полімераза зв'язує не більше 1 % фрагментів.

Слово-пароль з дев'яти букв-нуклеотидів має видову специфічність, і РНК-полімераза одного виду бактерій не розпізнає чужий пароль, "дев'ятку" з промотора мікроорганізмів іншого виду.

У лабораторії інформаційних технологій кафедри автоматизованого управління в технічних системах розроблений підхід до створення інформаційної теорії ДНК на основі розвинених

(пуринового або пиримидинового), та вони кодуєть одну і ту ж амінокислоту (з цього правила існує два винятки).

Текст, записаний на м-РНК, зчитується рибосоמוю послідовно, кодон за кодоном, починаючи з деякого початкового ініціюючого кодону за схемою

вперше представлень про просторові форми четвіркових кодів поля Галуа (КПГ) [5]. Виявлена близькість властивостей четвіркових КПГ та нуклеотидних послідовностей ДНК [6]. З метою встановлення залежності довжини білка від довжини промотора проведені експериментальні дослідження біологічних структур ДНК за опублікованими даними. Внаслідок цього одержане таке аналітичне рівняння:

$$\hat{E}\left[\frac{N}{3}\right] = 2^{\frac{n}{3}}; n = 3 \hat{E}\left[\log_2 \frac{N}{3}\right], \quad (1)$$

де $\hat{E}[\]$ — цілочисельна функція з округленням до більшого цілого; N — довжина гена; n — довжина промотора.

ДНК — це біологічний полімер, який складається з двох полінуклеотидних кіл, з'єднаних між собою. Крім того, ДНК подібна на подвійний штопор. Для кільцевої замкнутої ДНК порядок зачеплення $L_k=2l$. Цю залежність відкрив американський математик Брок Фуллер [2]. У загальному випадку порядок зачеплення визначається так:

$$L_k = N / \gamma_0, \quad (2)$$

де N — число пар основ у молекулі; γ_0 — число пар основ, які припадають на один виток подвійної спіралі.

Для зверхспіралізації молекули ДНК групою вчених на чолі з М.Д.Франком-Каменецьким [2] знайдена кількісна характеристика виду

$$\tau = L_k - N / \gamma_0, \quad (3)$$

де γ_0' — рівноважне значення числа пар основ на 1 виток при зміні зовнішніх умов.

Зверхспіралізація необхідна для початку копіювання і здійснює великий вплив на транскрипцію.

Джеймсом Уайтом у 1968 р. [2] було доведено, що

$$L_k = T_w + W_r, \quad (4)$$

де T_w — кручення, осьова закрутка смуги; W_r — райзинг.

Взагалі при намотуванні смуги на циліндр так, щоб вона прилягала до поверхні циліндра і робила R обертів, одержують такі значення:

$$\begin{aligned} L_k &= R, \\ T_w &= \frac{Rp}{\sqrt{p^2 + \pi^2 d^2}}, \\ W_r &= R \left(1 - \frac{p}{\sqrt{p^2 + \pi^2 d^2}} \right) \end{aligned} \quad (5)$$

де d — діаметр циліндра; p — крок спіралі, яку утворює смуга.

Крайові випадки:

1) $p \rightarrow 0$, тоді $T_w = 0$ і $L_k = W_r$;

2) $d \rightarrow 0$, тоді $L_k = T_w$.

Наведені математичні закономірності і проведений короткий аналіз подібних властивостей ДНК і послідовностей Галуа

свідчать про необхідність подальшого розроблення інформаційної теорії ДНК на основі вперше розвинених представлень про просторові форми четвіркових КПП.

1. Дж. Уотсон, Дж. Туз, Дж. Кури. Рекомбинантні ДНК. М., 1986. 2. Франк-Каменецкий М.Д. Самая главная молекула. М., 1983. 3. Френкель-Конрат Х. Химия и биология вирусов. М., 1972. 4. Николайчук Я.М. Возможности використання полів Галуа для декодування нуклеотидних послідовностей // Тез. наук.-техн. конф. проф.-викл. складу ІФІНГ. Івано-Франківськ, 1994. С.205-206. 5. Николайчук Я.М., Мельничук С.І. Кодування інформації і перетворення даних в ДНК // Матеріали наук.-техн. конф. проф.-викл. складу ІФДТУНГ, 1995. С.51-53. 6. Теоретичні підходи до проблеми формування та генерування кодів ДНК. НТС «Інвестиції в енергозбереження». Мукачево, 1997.

УДК 681.586.083.92

БАГАТООБЕРТОВИЙ ПЕРЕТВОРЮВАЧ КУТОВИХ ПЕРЕМІЩЕНЬ НА ОСНОВІ ФАЗОВОГО МЕТОДУ ВИМІРЮВАННЯ

© Николайчук М.Я., 1998

Івано-Франківський державний технічний університет нафти і газу

Автором проаналізовано амплітудний та фазовий методи вимірювання. На основі фазового методу розроблений багатобертний реверсивний перетворювач куткових переміщень на базі безконтактних сельсинів, які працюють у режимі АЦП. Розроблена принципова схема узгодження відліків точної і грубої шкали перетворювача, що забезпечує корекцію показів і розширює діапазон вимірювання перетворювачів даного класу.

Постійне зростання обсягу вимірювальної інформації, яка одержується в процесі управління виробничими процесами, а також під час проведення різноманітних фізичних експериментів у науці та техніці, вимагає розробки та створення найрізноманітніших інформаційно-вимірювальних систем (ІВС), автоматизованих систем управління технологічними процесами (АСУ ТП) і автоматизованих систем для проведення наукових досліджень (АСНД).

Одним із основних вузлів таких систем є первинні аналого-цифрові перетворювачі (АЦП). Треба відмітити, що точність та надійність роботи інформаційних та керуючих систем у більшості визначаються параметрами первинних АЦП. З великої кількості АЦП в останній час достатньо широке розповсюдження набули цифрові перетворювачі куткових та лінійних переміщень (ЦПК) та (ЦЛП).

ЦПК здійснює перетворення кутової величини в електричний сигнал, один із параметрів якого пов'язаний пропорційною залежністю з кутовим переміщенням α .

Основним критерієм, що впливає на вибір параметра електричного сигналу, є точність вимірювання. У теорії інформації [1] розглядають граничні співвідношення між кількістю переданої інформації та енергією, що витрачена на вимірювальний процес при різних способах передавання інформації. Порівняння амплітудного та фазового способів передавання інформації свідчить, що при заданій енергії, витраченій на вимірювальний процес, амплітудна модуляція несе в 2π разів менше інформації ніж фазова. Тоді при одній і тій самій точності вимірювання фазовий метод дає змогу приблизно в 40 разів зменшити споживану потужність або час вимірювання, порівняно з амплітудним.