

Ю.Н. ЖУРАВЛЁВ, М.А. ГУЗЕВ, А.И. ГУДИМЕНКО

Роль конверсии в становлении действительности

Показано, что в эволюционирующих системах конверсии создают устойчивые промежуточные элементы (гермы) путем взаимодействия составляющих как вещественной, так и виртуальной природы (порядка). Создавая все более сложно организованные гермы, конверсии обеспечивают рост сложности живых, неживых и искусственных систем.

Ключевые слова: становление живых и неживых систем, конверсия, гермы и расслоения.

Role of conversion in the reality formation. Yu.N. ZHURAVLEV (Federal Scientific Center of the East Asia Terrestrial Biodiversity, FEB RAS, Vladivostok), M.A. GUZEV, A.I. GUDIMENKO (Institute of Applied Mathematics, FEB RAS, Vladivostok).

The paper shows that in evolving systems, conversions create stable intermediate forms (germs) by the interaction of components of both substantial and virtual nature (order). By constructing increasingly complex germs, conversions provide an increase in the complexity of living, nonliving, and artificial systems.

Key words: becoming of living and nonliving systems, conversion, germs and fiber bundles.

Хотя об атомах очень легко говорить,
но весьма трудно составить себе
ясное представление об их природе,
особенно когда речь идет о сложных веществах.

М. Фарадей

Введение

Процессы конверсии играют важную роль в становлении живых, неживых и искусственных систем. Несмотря на это, понятие конверсии остается неопределенным, прежде всего по причине сложности и необычности структуры этого явления. Создавая все более сложно организованные новые устойчивые промежуточные элементы (гермы), конверсии включают трансмутации и взаимодействия вещества и порядка, траектории которых не всегда явны и непрерывны, и обеспечивают рост сложности эволюционирующих систем, их становление.

Термин «конверсия» широко используется для обозначения событий, которые можно понимать как изменение, превращение и т.д. в соответствии с переводом с латинского *conversio*. Википедия предлагает 7 различных словоупотреблений – в химической

*ЖУРАВЛЁВ Юрий Николаевич – академик РАН, научный руководитель центра (Федеральный научный центр биоразнообразия наземной биоты Восточной Азии ДВО РАН, Владивосток), ГУЗЕВ Михаил Александрович – академик РАН, директор института, ГУДИМЕНКО Алексей Иванович – кандидат физико-математических наук, старший научный сотрудник (Институт прикладной математики ДВО РАН, Владивосток).

*E-mail: zhuravlev@biosoil.ru

технологии, интернет-маркетинге, лингвистике и пр., за исключением математики. Использование понятия «конверсия» в математике и математической логике часто низводится до представления традиционной логики – «и обратно», которое в большинстве случаев, особенно по отношению к процессу становления, нельзя считать допустимым.

Термин «конверсия» может относиться ко многим видам превращений, где тот или иной вид превращений не является единственным, а сопряжен с другими. В зависимости от ограничений, накладываемых на понятие «сопряжение», функциональный объем термина может сильно варьировать, но обычно имеет отношение к таким принятым в физике и математике понятиям, как «взаимодействие», «отношение», «отображение» и даже «функция».

Именно в биологическом контексте началось широкое обсуждение роли «информационных» молекул в развитии, вследствие чего была сформулирована центральная догма молекулярной биологии (ЦДМБ) [25]. Поэтому кажется естественным провести логический анализ биологических процессов становления с точки зрения их представленности как конверсий. Возможно, такой анализ ориентирует нас в вопросе о том, каких составляющих процесса становления мы не видим или не понимаем, хотя конверсия и указывает на их наличие.

Конверсии в синтезе белка

Синтез белка считается ключевым понятием молекулярной биологии. Многие открытия в этой области отмечены нобелевскими премиями, а сущность процесса описана в многочисленных трудах [2, 9, 15, 17–19]. Физико-химические аспекты процесса освещены в монографии Т.А. Уэя [20] и научном обзоре, недавно опубликованном в «Chemical Review» [29].

Конверсия как событие становления, характерное для развивающихся живых систем, была впервые обнаружена при топологическом анализе процессов транскрипции и трансляции [33, 34] и описана в терминах теории категорий [6]. Нас привлекает в этой теории наличие универсальных свойств, связывающих новые множества с их базовыми представлениями. Данная теория предоставляет возможность, используя свойства топосов, с помощью, в частности, базовой категорной конструкции предела описать пути образования новых множеств из уже существующих, что, по нашему мнению, и является задачей математики в описании эволюции. Для дальнейшего изложения нам потребуется понимание трех основных терминов – «расслоение», «гермы» и «склейка», которыми пользуются в теории топосов [3, 8, 27].

Расслоение в простейшем понимании есть такая операция над базой или пространством, которая выявляет их внутреннюю структуру или организацию, минимальными элементами которой служат гермы.

Гермы – системные элементы, они минимальны в функциональном отношении: если гермы разлагать и дальше (что возможно в силу их структурной сложности), они перестают быть элементами рассматриваемой системы. В этом смысле гермы соответствуют промежуточным устойчивым элементам, ускоряющим создание иерархий (по Г. Саймону [16]).

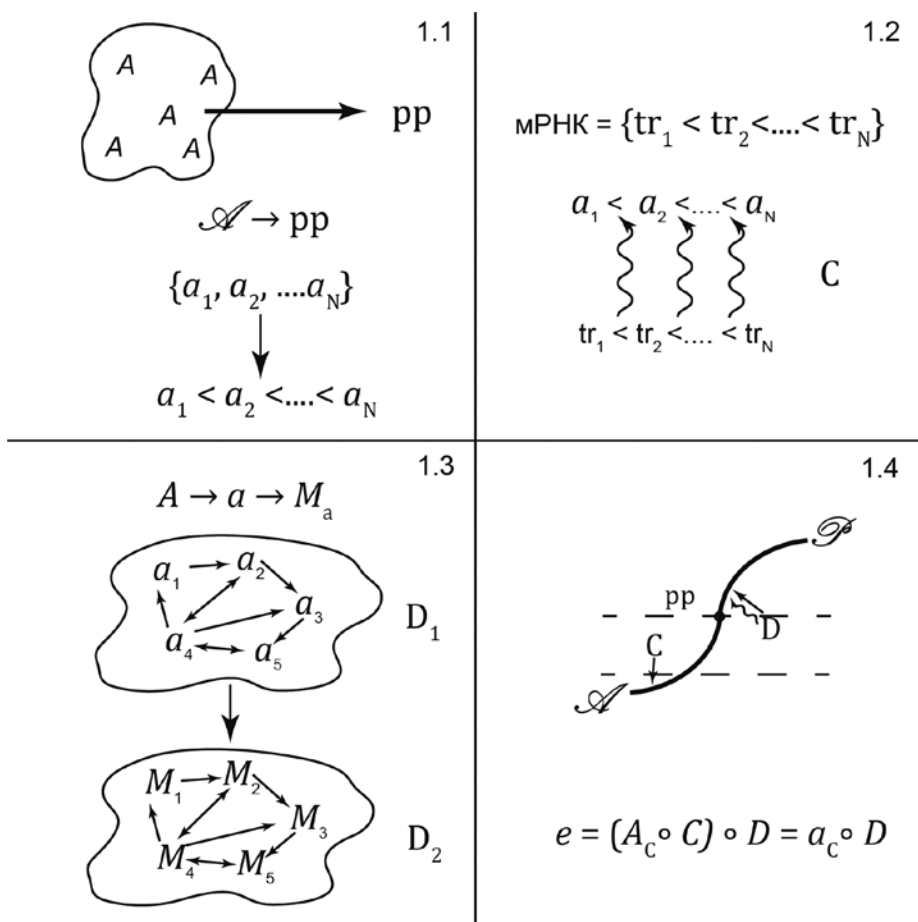
Склеивание – процесс, которым заканчивается создание новых гермов и слоев нового уровня. Благодаря склеиванию гермов из разных расслоений системе добавляется новое устойчивое промежуточное представление на следующих уровнях сложности.

К тому времени, когда мы начали исследовать синтез белка с помощью инструментов теории топосов, принято было считать, что передача информации в живых системах заключается в передаче последовательности триплетов в мРНК в последовательность аминокислотных остатков в молекуле белка [25]. То, что белки синтезируются из аминокислот, было известно и раньше [19]. Однако представить синтез белка как взаимодействие

гермов одного расслоения с гермами другого расслоения никто до нас не пробовал. Особенно мало было известно о том, какими свойствами могут обладать расслоения, вовлекаемые в этот процесс.

Полагая, что $\mathcal{A} = \{A_1, A_2, \dots\}$ есть множество свободных аминокислот, $\{a\} = \{a_1, a_2, \dots, a_N\}$ – множество аминокислотных остатков в полипептиде, а C есть порядок последовательности элементов в макромолекулах мРНК и полипептида, мы рассмотрим простой пример синтеза белка. В этом примере сначала нам, как и многим другим, казалось, что синтез белка следует понимать как отображение, превращающее гермы одного расслоения в гермы другого расслоения. Однако в ходе исследования мы выяснили, что трансляция есть морфизм, создающий новые гермы взаимодействием гермов из разных расслоений, в данном случае – из расслоений разных классов. Именно поэтому существенным свойством живых систем является непрерывный обмен с окружением, откуда и берется «материал» для новых, усложняющихся гермов [32]. В частности, в трансляции для создания уникального полипептида задействуется не вся мРНК, а только ее гермы порядка, тогда как вещественные гермы (триплеты) отбрасываются (возвращаются в общий пул), а вместо них используется вещество аминокислот, которые могут поставляться из любого окружения [19].

Каждый тип гермов, участвующий в отображении, привносит свой вклад в новый объект, полученный вследствие отображения. Однако представление о топологии отображения создается у нас не для объекта в целом, а для герма, избранного для наблюдения.



Этапы отображения множества свободных аминокислот в частично упорядоченное множество белка и роль порядков в превращении полипептида в функциональную глобулу. Пояснения см. в тексте

Для одних траекторий гермов переход к новому объекту может быть гетеротопичным, для других – гомотопичным, т.е. топология по наблюдаемому признаку может нарушаться или сохраняться. Для описания этих эффектов в трансляции следует учесть, что новый герм (обозначим его как «*e*») создается взаимодействием фактически двух разных классов отображений: 1) отображением свободной аминокислоты (*A*) в аминокислотный остаток (*a*), 2) выстраиванием остатков в определенном порядке. Выше мы присвоили этому порядку индекс *C*. Порядок *C* ответственен, таким образом, за «реакцию» превращения неупорядоченного множества аминокислот в частично упорядоченное множество – полипептид (см. рисунок, фрагмент 1.1). Однако упорядочение остатков осуществляется как отображение последовательности триплетов на мРНК в последовательность аминокислотных остатков полипептида. Порядок *C* является функтором, ибо переносит категорную структуру множества нуклеотидных триплетов во множество остатков (см. рисунок, фрагменты 1.1 и 1.2). Но полипептид еще не есть белок со специальной функцией. Превращение полипептида в белок происходит в процессе его складывания в уникальную глобулу, что носит название фолдинга [19].

В ходе фолдинга осуществляется дальнейшее упорядочение уже частично упорядоченного множества – полипептида – путем воплощения в нем порядка *D* (см. рисунок, фрагмент 1.3). Этот порядок отличается от порядка последовательности *C* тем, что он создает объект в окружении, формируя категорную структуру множества как геометрического тела в трехмерии, отчего отношения, задаваемые порядком *D*, не могут быть реализованы в одномерном пространстве. Образно говоря, если порядок *C* организует нить (или случайный клубок) молекулы, то порядок *D* создает из потенциального клубка функциональную архитектуру в том виде, как ее описывал Г. Саймон [16]. Поскольку порядок *C* формируется в сопряженной реакции отображения последовательности (<) триплетов в последовательность (<) остатков, следует «простую» реакцию создания полипептида записать как некую последовательность событий (см. рисунок).

Неупорядоченное множество аминокислот $\{A_1, A_2, \dots, A_{20}\}$ могло бы отобразиться в полипептид, что и происходит в растворе без рибосом. В этом случае полипептид можно представить как произвольное множество $\{a_1 \leftrightarrow a_2 \leftrightarrow \dots \leftrightarrow a_{20}\}$, где ковалентная связь (\leftrightarrow) задает в полипептиде некоторый порядок, отсутствующий в неупорядоченном множестве аминокислот, но это еще не есть порядок *C*. В живой системе (клетке) одновременно с отношением \leftrightarrow рибосома снабжает каждый включаемый в полипептид остаток еще одним отношением <, обеспечивая полипептиду в целом порядок *C*, отображаемый из порядка *C*, представленного в мРНК. Формально это выглядит так:

$$C : (tr_1 < tr_2 < \dots) \rightarrow (a_1 < a_2 < \dots \dots),$$

где tr_i – триплеты, a_i – аминокислотные остатки.

Создаваемый полипептид частями поступает в рибосомный канал, где путем взаимодействия порядков *C* и *D* начинается его превращение в функциональную молекулу. Превращение полипептида в глобулу заканчивается уже вне рибосомы. Формально запись взаимодействия порядков вызывает определенную трудность, поскольку специфическая часть *C* привносится в полипептид из РНК-мира, тогда как в основе *D* лежит способность аминокислотных остатков к взаимодействию между собой, ограниченная их локализацией внутри полипептида. Взаимодействие порядков с остатками между собой создает элемент *e* (см. рисунок, фрагмент 1.4).

Интерпретация фрагментов 1.3 и 1.4 рисунка будет продолжена ниже. Здесь же хочется подчеркнуть, что наблюдаемая в синтезе белка версия порядка последовательности *C* может быть представлена версиями последовательности как триплетов, так и аминокислотных остатков. Однако в составе белка аминокислотные остатки способны к созданию принципиально новых вещественных элементов *e*, которые мы называем гермами нового расслоения и которые соответствуют понятию потенциальных промежуточных устойчивых форм в описании сложности Г. Саймона [16]. В этом представлении особенность трансляции заключается в том, что наличие в ней конверсии приводит к утрате

аналитичности (молекулярно-организационного уровня) между вещественными представлениями системы: если раньше система принадлежала классу нуклеиновых кислот, то после трансляции она относится к классу полипептидов. Обусловлено это заменой одной промежуточной устойчивой формы (герма e) на другую. При этом молекулы мРНК (или нуклеотиды – вещественные носители мира нуклеиновых кислот) либо возвращаются в пул транскриптов, либо гидролизуются, а полипептиды продолжают свое участие в становлении.

Здесь важно следующее. Если не считать сопряжение порядков главным событием взаимодействия, то понять причинно-следственный характер реакций трансляций трудно или даже невозможно. Сложность заключается в том, чтобы догадаться (а не вычислить – аналитичность-то не всегда вещественно явна), гермы каких расслоений и откуда привлекаются и как они взаимодействуют, создавая новые гермы для последующей склейки. Понять и признать, что элемент нового расслоения e (аминокислотный остаток с признаками порядков D и C) принципиально отличается от исходного элемента A (аминокислоты) в примере с полипептидом особенно трудно, потому что структурное сходство аминокислоты и ее остатка очевидно, а добавленные значения порядков C и D скрыты. Более того, аминокислотный остаток (в белке) не проще, а намного сложнее самой аминокислоты, поскольку является носителем двух новых порядков, не свойственных множеству свободных аминокислот.

Некоторым исследователям, склонным гипертрофировать роль классификации, трудно представить себе взаимодействие гермов вещественного представления (молекул) с гермами виртуального представления (отношениями порядка). Им это кажется смесью физикализма и ментализма [1]. Но это не смесь понятий, а особый тип взаимодействия, который соответствует декартову произведению множеств, поскольку элементарный топос есть декартово замкнутая категория с классификатором подобъектов [3].

Другие конверсии в биологии

Оперируя термином «конверсия», легко обнаружить, что именно отсутствие уровневой аналитической связи по потоку вещества ставило в тупик многих исследователей эволюции. Так, Адди Просс, автор широко известной монографии «What is Life?» [28], в схеме эволюционного ряда поставил вопрос, отделяющий химический мир от простейшей жизни: мол, непонятно, как это происходит. Он не смог на него ответить, поскольку искал аналитическое решение для каскада конверсий вещества, не замечая гетеротопического характера этого превращения.

Конечно, признание гетеротопического характера перехода вещественной составляющей и отсутствие в нем уровневой аналитичности далеко не всегда дают новое конкретное знание, но в ряде случаев это важно. Наличие гетеротопических переходов позволяет, например, устранить противоречие между градуализмом, идущим от Дарвина [7], и гипотезой прерывистого равновесия, предложенной С. Гулдом и Н. Элдриджем [26], поскольку объясняет, что постепенное развитие больше опирается на гомотопические составляющие конверсии, а быстрые эволюционные изменения связаны с гетеротопическими переходами в структуре объектов и систем.

В научно-популярной литературе прослеживается тенденция говорить о некоторых событиях становления как о чуде или загадке. Обычно это случается, когда какая-либо составляющая взаимодействия ускользает от внимания или не поддается наблюдению. Если она, будучи даже непонятной, видна, о чуде не говорят. Например, электрические свойства скатов не считают чудом, поскольку известно, что импульс вырабатывается электрическим органом, хотя этот орган до сих пор таит много загадок и сказать, что все здесь ясно, – значит, выдавать желаемое за действительное. В то же время оператор эволюционного скачка от прокариотов к эукариотам не поддается наблюдению, отчего

некоторые эволюционисты считают, что между организациями этих двух типов лежит пропасть [14].

Сложное сочетание и чередование гомо- и гетеротопических сопряжений широко распространены в живых системах. Они наблюдаются в синапсах – местах передачи нервного импульса между двумя нейронами или между нейроном и получающей сигнал эффекторной клеткой. Среди выявленных в медицине конверсий известны случаи, когда продукт склейки одного процесса становится оператором другого. Такие конверсии часто обнаруживаются в патологии развития организма, например, когда доброкачественное разрастание простаты препятствует мочеиспусканию или полипы в синусе верхней челюсти затрудняют дыхание.

Конверсии в неживых системах

События становления живых систем не удастся четко отделить от событий в системах окружения ни в историческом, ни в пространственном аспекте [10]. Те и другие системы вместе и по отдельности обнаруживают признаки роста, дифференциации и усложнения. Отдельные компоненты неживых систем постоянно переходят в живые системы и наоборот, однако это явление, называемое метаболизмом, приписывается только живым системам.

В силу сходства процессов становления аналитичность, по-видимому, может отсутствовать и в некоторых «простых» физико-химических переходах, которые можно считать участвующими в становлении, скажем, химического мира. Например, при взаимопревращениях иона и нейтрального атома (неона) конверсия вещества как бы гомотопична (атомы вещества и растворителя не меняют своей элементной принадлежности), но процесс сольватации объединяет, склеивает их, создавая герм (типа e) более высокого порядка, к примеру $[\text{Cu}(\text{H}_2\text{O})_4]^{2+}$. Вода в этом случае уже не безликая среда, а молекулярное расслоение, и гермы этого расслоения участвуют в конверсии наряду с ионами меди. Несмотря на «простоту» этого нового герма, компьютерные симуляции превращений энергии при таких конверсиях не имеют четкого алгоритма, а сами симуляции приравниваются к алхимии [29].

Из многочисленных примеров конверсии энергии в физике к нашей теме наиболее близки примеры «прямого» ее преобразования. Сюда относятся такие физические процессы, как превращение химической энергии в электрический ток в гальванических элементах, превращение энергии фотонов в ток в солнечных батареях или, скажем, создание статического электричества при трении.

Особенно интересны, хотя и трудны для исследования, расслоения в пространствах низкой размерности. Гермы таких пространств обладают новыми свойствами, не предсказуемыми законами классической физики, поскольку являются результатом взаимодействия гермов неизученного еще более низкого уровня организации.

Анализ числового ряда открывает немало примеров гетеротопических переходов, которые ставили в тупик целые поколения математиков. Каждое новое множество чисел в ряду открывалось с трудом и в жестоких спорах. Таковы, например, комплексные числа, появление которых не могло быть предсказано аналитически до открытия корня-степени и отрицательного числа.

Однако самое важное для математики свойство конверсии связано с представлением о «полноте» конвертируемого объекта. При формальном исследовании становления числового ряда оказывается, что каждая следующая конверсия преодолевает в определенном смысле полноту предыдущей конверсии. Например, в становлении числового ряда последовательно преодолевается его замкнутость (полнота) относительно вычитания (целые числа), деления (рациональные числа), сходимости последовательностей Коши (вещественные числа) и т.д. Преодоление полноты открывает новые возможности для становления и лежит в основе эволюции.

Конверсии в искусственных системах

Под искусственным вслед за Г. Саймоном [16] мы понимаем все «спроектированное» и созданное при участии «разумной» деятельности человека. Именно проективная деятельность является той виртуальной составляющей, которая порождает гермы новой сложности в искусственных системах. Выброшенная морем плоская створка раковины не была артефактом вплоть до того момента, пока разглядывавший ее антропоид не «запроектировал» использовать ее в качестве скребка. Гораздо длиннее путь «проекта» создания песочных, а затем – механических, электрических и прочих часов. И понять конверсию здесь сложнее, чем в примерах из чистой биологии.

Все выведенные человеком сорта и породы включают элементы как естественного, так и искусственного происхождения. Поэтому создание сорта может быть истолковано как гетеротопическая конверсия. Так, в природе не существует такого вида, как слива (*Prunus domestica*). Все имеющиеся сорта сливы выведены человеком с помощью гибридизации, в которой взаимодействовали генотипы тёрна (*Prunus spinosa*, $2n = 32$) и алычи (*Prunus divaricata*, $2n = 16$). Потребовалась особая схема скрещивания и возделывания гибридного потомка, так что это скрещивание можно представить как взаимодействие гермов растительных генотипов с гермами особого порядка – алгоритмом скрещивания, продуктом человеческого планирования.

Более сложная конверсия прослеживается при выведении современных сортов пшеницы.

В социологии термин «конверсия» обычно используется без оглядки на механизм осуществления процесса. Существует, например, даже такое утверждение: конверсия – это побуждение клиентов принимать конкретные меры, т.е. «превращение» человека, просматривающего в Интернете тот или иной сайт, в покупателя товара. Понятно, что «побуждение» можно представить как герм порядка.

Внимательный анализ таких сложных социальных систем, как государства, показывает, что в их создании принимали участие не только гермы и слои биологической природы (люди, население), но и гермы искусственных множеств и расслоений (конституций, уставов, кодексов). В соответствии с этим менялась и социальная природа человека, создавался новый тип герма.

Интересно сравнить средства коммуникации в разных множествах живых объектов. Для простейших они выглядят как физические и химические контакты близкодействия. У многоклеточных эти средства представлены сигналами жестов и звуков. У людей звуковое общение становится дифференцированной речью с синтаксисом. Хотя Г. Бейтсон [1] и предполагал, что «парадигмы вербальной грамматики могли каким-то образом произойти из парадигм взаимодействия», сегодня более распространено мнение, что язык жестов не был источником для речи, потому что жестовый текст, в отличие от звукового, нелинеен. В синтаксисе жестового языка в первую очередь используется трехмерность пространства: жестикулирующий «помещает» участников ситуации в определенные точки пространства, и в дальнейшем место артикуляции предикатов предсказуемо модифицируется в зависимости от локализации субъекта и объекта [13].

Этот пример дает возможность составить дополнительное представление о диапазоне действия порядков *C* и *D* и роли аналитичности в становлении систем. Так, уложение о наказаниях и оскал вождя племени как задача коммуникации функционально гомологичны, но между способами их физических представлений нет признаков аналитичности. Поскольку содержание и речи, и жестового текста можно переводить на искусственные носители, мы приводим пример именно в этом разделе. Однако и сама история письменности содержит замечательные примеры конверсий. Не вдаваясь в подробности, отметим только глубокую аналогию понятий «герм» и «морфема», которые оба означают наименьшую единицу контекста, имеющую некоторый смысл, тогда как дальнейшее деление приводит уже к выделению незначимых элементов.

Обсуждение

К представлению о конверсии вынуждены обращаться, когда в исследовании процессов становления обнаруживаются закономерности, недоступные для описания традиционными терминами. Например, в терминах гомологии можно описать эволюцию передних конечностей рыб, птиц и зверей, но нельзя эту логику применить к описанию эволюции, например, крыльев позвоночных и насекомых. Эти два класса крыльев безусловно являются продуктами эволюции, но между ними нет аналитичности, отчего переход одного в другое в определенном смысле непредсказуем, и о нем можно говорить как о «чуде». Однако его можно описать в терминах РКС (расслоение–конверсия–склеивание) [6, 11, 12, 31].

Модуль РКС широко распространен в природе и обнаруживается во всех трех потоках, участвующих в становлении действительности (потоках вещества, энергии и порядка). Но наивно было бы думать, что с помощью одного универсального и неизменного модуля можно описать все разнообразие процессов становления. Каждая составляющая модуля изменчива и часто трудно узнаваема. То же относится и к его основной части – конверсии. Иногда ее просто не видят.

Конверсия в становлении проходит этап подготовки: в системе накапливаются новые носители, потенциально способные войти в состав гермов нового расслоения, чтобы выполнять ту же функцию, что и действующие, но расширенную в расширенном пространстве. Такими носителями можно считать, например, аминокислоты, транзисторы, биткоины, а в социальных пространствах – заговорщиков и революционеров. Аминокислотные остатки, заместив нуклеотиды, резко расширяют круг и разнообразие внутримолекулярных и супрамолекулярных взаимодействий. Революционеры или заговорщики, захватывая функцию управления, могут как расширять, так и сужать пространство, поскольку результатом переворота может быть как республика вместо монархии, так и наоборот. Создадут ли биткоины новое глобальное пространство взамен пространства действующих валют, еще не ясно, но локально такое пространство уже существует с момента их появления.

Сторонники теории большого взрыва утверждают, что знание законов эволюции *после* взрыва нельзя использовать для получения знаний о том, что было *до*. Они полагают, что их модель Вселенной имеет начало, представленное такой сингулярностью, что поиски связи того, что было *до*, с тем, что стало *после*, ненаучны [22, с. 79]. Биологу трудно спроецировать такие утверждения на область своих фундаментальных представлений. Для него достижения физики – те же фрагменты Оказаки, которые мало синтезировать, их еще надо правильно сориентировать и потом сшить в молекулу отстающей цепи. Тем более после развития представлений о конверсии трудно поддержать точку зрения С. Хокинга, которая объясняет, что впечатление сингулярности оказывается всего лишь следствием взаимодействия трудно наблюдаемых гермов из малоизученных расслоений. Но и самим биологам представления о гетеротопической конверсии будут полезны, например, для постановки вопроса о происхождении мира РНК. Пока в этих исследованиях рассматривается только вещественная составляющая, отчего большинство гипотез происхождения мира РНК сводится к малообоснованному градуализму или маловероятному случаю [14]. Полагая, что белковый мир есть конверсия из мира РНК, можно ставить вопрос о конверсии, создавшей мир РНК.

В продвинутых живых системах отношения между подсистемами не всегда явно обозначены. Это отчасти связано с тем, что живые системы представляют собой «изменяющиеся множества» (variablesets) [27]. Истинность высказывания для таких множеств не абсолютна, а зависит от контекста (уровня развития системы, знания о нем и пр.), а логика в отношении таких меняющихся элементов является интуитивистской [3, с. 227; 23]. Учитывая это и заменяя понятие «истинность высказываний» на понятие «топология», можно утверждать, что в изменяющихся множествах гомотопичность или гетеротопичность перехода зависят от того, по какому отношению анализируется переход.

Понятие «изменяющееся множество» достаточно тесно связано с представлением о не вполне выделенном объекте [30]. Если объект выделен неявно, как это допускает аксиома выбора, то в операциях с системой возможны странные результаты вроде парадокса Банаха–Тарского, который известен как парадокс двух шаров и заключается в том, что существует допустимое отображение из сферы в объединение двух сфер того же радиуса. Это противоречит интуиции, поскольку, разделяя, допустим, апельсин на конечное число частей, мы интуитивно уверены, что, складывая эти части вместе, можно получить один апельсин, но никак не два.

Чтобы обосновать допускаемую аксиомой выбора возможность, математик Джузеппе Витали в 1905 г. прибег к следующему трюку. Если резать апельсин ножом, а дольки взвешивать, то наша логика, основанная на понятии аддитивности, правомерна. Но апельсин можно разрезать виртуально на части, которые не имеют ни веса, ни объема. Из множества, состоящего из таких «неизмеримых» частей, можно построить два (и больше!) множества, конгруэнтных исходному, предполагая, что объемы двух конгруэнтных множеств совпадают. После этого каждое новое множество снабжается свойством аддитивности, что и означает: из двух виртуальных апельсинов получаются два вещественных.

Суть трюка заключается в том, что сначала измеримое множество рассматривается как неизмеримое, а после операции его разделения оба неизмеримые множества рассматриваются как измеримые. Некоторые полагают, что невозможно осуществить такое разбиение какими-либо средствами на практике. Но жизнь давно освоила этот трюк. Например, в случае исследования синтеза белка вводится виртуальный объект – порядок C . Этот порядок есть способ представления элементов системы и самой системы без свойства аддитивности (напомним, что порядок C «пренебрегает» фактом, что триплет имеет объем). В отсутствие аддитивности все, что наша интуиция могла бы потребовать от объемного объекта, при передаче порядка отсутствует. Но в синтезе белка это продолжается недолго. Уже в рибосомном канале восстанавливается внимание к свойству аддитивности, а уж молекула белка и все конструкции с ее использованием, их мезо- и макроскопическая динамика тем более отвечают нашим интуитивным ожиданиям.

Трюк разных представлений изменчивого множества жизнь демонстрирует на разных уровнях, а в случае с апельсином делает это буквально (по Эйнштейну – эмпирически): из апельсина может вырасти дерево, а на дереве вырастут два и более апельсинов.

Чередующаяся по основному отношению структура (гомо- и гетеротопическая) эволюционных шагов затрудняет исследование становления, однако не делает его невозможным, прежде всего потому, что в диапазоне становления от атомов и молекул до сложных живых и неживых объектов мы уже имеем некоторое представление о разнообразии баз расслоений, элементы которых связаны конверсиями. Поскольку теперь мы не ограничены необходимостью обязательно искать аналитичность, которая отсутствует при гетеротопической смене фрагментов наблюдаемых траекторий, мы можем больше уделять внимания превращениям и организациям баз, что позволит в конце концов составить представление и о конверсиях между их элементами (гермами).

Анализ

Понятие конверсии приближает нас к пониманию того, что поток становления состоит из взаимодействий не только элементов вещественного характера (макромолекул, органелл, организмов и пр.), но и элементов порядка, которые, по-видимому, являются в общем случае безмассовыми. Поэтому в этом разделе рассмотрим конверсию, представленную на приведенном выше рисунке, с несколько иной позиции.

Полагая, что поток становления представляет собой некое поступательное (в смысле роста организации) движение, которое сопровождается взаимодействиями между элементами безмассовой и вещественной составляющих потока, обратим внимание на сходство

динамики становления с процессами, анализируемыми в квантовой электродинамике. Мы полагаем, что причиной сходства является неполнота выделения из их окружения как биологических [30], так и квантовых объектов. Не будем развивать эту тему в данной публикации, но отметим, что благодаря сходству этих двух процессов методы, использованные в квантовой электродинамике, могут быть полезны в анализе событий становления. Речь идет о диаграммах Фейнмана [21]. Безусловно, мы сознаем невозможность безоговорочного переноса методов и приемов квантовой механики в молекулярную динамику, но само использование указанных диаграмм в дополнение к анализу кажется нам перспективным.

В диаграммах Фейнмана физическому процессу взаимодействия частиц соответствует некоторая графическая схема. На минуту забудем о сложности мРНК или полипептида и будем считать их частицами с траекториями. Попробуем представить отношения их траекторий на диаграммах, как это делал В.Н. Грибов для нерелятивистских объектов [4, с. 11, 13].

Рассмотрим смысл отношения, о котором принято говорить, что процессы трансляции последовательности матричных РНК отображаются в последовательности белка, что можно записать как мРНК → белок. Сразу заметим, что разнообразие значений понятий «последовательность» и «белок» заставляет думать о последовательностях буквально, т.е. не как о свойствах, а как об объектах. На самом деле ни одна последовательность как переход одного вещественного объекта в другой в трансляции не отображается: стрелка в записи мРНК → белок означает только порядок последовательности (порядок следования элементов в том и другом объектах). Использовать термин «белок», говоря о последовательности, тоже не совсем правильно, так как в большинстве своем функциональные белки представлены нелинейными формами. Поэтому и несмотря на то что объекты мРНК и полипептид имеют в действительности вид отрезков и характеризуются протяженностью во времени, мы не можем считать эти две последовательности траекториями одной и той же частицы и связывать их какой-либо функцией, например функцией Грина, которая обычно используется для описания взаимодействий на диаграммах. Из всех отношений, представленных в процессе синтеза белка, функцией Грина в полном объеме может быть охарактеризован только процесс создания полипептида из неупорядоченного множества свободных аминокислот (первая и вторая строки в фрагменте 1.1 рисунка). Именно для траектории этого процесса и будем анализировать возможность сопряжения с другими траекториями.

При отображении порядка последовательности триплетов в порядок последовательностей аминокислотных остатков полипептида (см. фрагмент 1.2 рисунка) используется как минимум 20 разных представлений функции Грина – по одному для каждого отношения «триплет–остаток». Поскольку это делается с помощью достаточно универсального функтора (переносчика порядка) – рибосомы, есть основания считать, что разные представления функции Грина есть разные (локальные?) состояния рибосомы. Функция отображения последовательности мРНК в последовательность полипептида непрерывна, хотя и особым образом: она непрерывна во всех точках, попарно отображающих последовательность пар. Вследствие этого вещественные составляющие трансляции, т.е. объекты мРНК и полипептид, изоморфны по отношению к порядку *C*. На этом роль трансляции в становлении заканчивается.

Продолжение становления связано с развитием отношений между аминокислотными остатками, создающими порядок *D*. Иногда об этих отношениях говорят как о «преобразовании информации из линейного кода в трёхмерие» [5], что неверно именно в свете принципов конверсии. В трёхмерии линейный код не преобразуется, он так и остается линейным, хотя и непрямолинейным. Зато с образованием пептидной связи в становлении начинает использоваться свойство трёхмерия остатков, уже присутствовавшее в структурах аминокислот. Теперь природа как бы вспоминает, что аминокислотный остаток есть пространственный элемент, и отсюда начинают выстраиваться отношения между пространственными элементами – остатками.

Фрагмент 1.3 рисунка обогащает наши рассуждения, снабжая полипептид порядком D , представляя его не последовательностью безликих элементов, а как взаимодействие упорядоченных многообразий (M_i). Создание порядка D становится возможным потому, что в трансляции состоялся переход к последовательности геометрических объектов, локально имеющих свойства многообразия. Каждому аминокислотному остатку присуще собственное векторное пространство, но на каждое из них накладывается ограничение, вызванное наличием ковалентной связи между остатками. И для каждого взаимодействия между остатками, имеющими смысл категорных объектов, требуется отдельная функция. Описать эти взаимодействия можно только в терминах теории категорий, и поэтому в волнистые овалы на фрагменте 1.3 рисунка заключены уже не множества, как на фрагменте 1.1 того же рисунка, а категории, где стрелки означают отношения. И, судя по всему, для обозначения этого рода категорий придется ввести особое наименование.

Такое понимание фолдинга делает задачу описания процесса становления исключительно сложной, даже если ее ограничить вопросами дифференциальной геометрии многообразий. Придавая аминокислотному остатку смысл многообразия, надо понимать, что за этим следует сопоставление каждой точки топологического пространства с множеством ее окрестностей, а каждой точки многообразия – сопоставление с пространством векторов, касательным в этой точке. Даже природе не удалось решить в один прием проблему придания полипептиду свойств уникального геометрического тела. Выше мы упоминали, что этот процесс начинается в рибосомном канале еще до окончания синтеза полипептида и продолжается в эндоплазматическом ретикулуме или цитоплазме с участием молекулярных шаперонов или без (см. рисунок, фрагмент 1.3). Чтобы отразить эту этапность, мы вводим порядок D с индексами 1 и 2, хотя понятно, что этапов создания функционального белка гораздо больше. Однако ковалентная связь не только ограничивает соседние многообразия, но и дает основание для создания интегрального объекта, сочетающего свойства, производные от порядков C и D . Одним из таких важных свойств является возможность введения касательного расслоения и связанных с ним инвариантов. Некоторые аспекты представлений трансляции в расслоенных пространствах описаны ранее в работах [6, 31]. На основании этих работ для описания процессов РКС мы использовали понятие «герм» как организационно минимального элемента этих процессов.

Благодаря использованию герма как основного элемента РКС открывается возможность представлять отдельные шаги становления как последовательные процессы создания новых «склеенных» элементов типа e и генерируемых ими пространств. Элемент e создается сопряжением траекторий всех участвующих на данном этапе становления расслоений (см. рисунок, фрагмент 1.4). Поэтому элемент e имеет набор свойств, характерных для разных расслоений, и генерирует пространства с отношениями, соответствующими этим свойствам. Конечно, на указанном фрагменте представлена сильно редуцированная схема, поскольку представление траектории на плоскости всегда беднее представления в реальном многомерном пространстве.

На рисунке траектории сопряжений показаны только для порядков C и D , т.е. они ограничены внутренними пространствами, которым в принципе можно было бы противопоставить внешние пространства окружения, но это противопоставление отвлекло бы нас от основной темы статьи.

Проведенный анализ позволяет дать следующее определение: конверсия есть переход объекта в новое пространство (или в набор пространств), в ходе которого сопряжение функций, создающих новый промежуточный устойчивый объект, снабжает этот объект всеми атрибутами нового пространства (новых пространств). Сопрягающиеся функции имеют как вещественный, так и виртуальный характер. Поэтому на фрагменте 1.4 рисунка порядок D представлен двумя стрелками, из которых волнистая соответствует виртуальному, а прямая – вещественному представлению. Пунктир означает, что в случае, когда основное содержание этапа становления представлено виртуальной функцией,

вещественная функция может оказаться разрывной, что производит впечатление отсутствия аналитичности.

Биологические объекты отличаются от объектов квантовой механики своей представленностью в большем числе пространств, а также своей многомерностью (многоальностью, если можно так выразиться). Эта представленность реализуется как разнообразие отношений, которые оказываются разнообразием функций, сосредоточенным на ограниченном числе носителей. Живые системы, таким образом, обнаруживают не дуальную, а поливалентную, универсальную природу. Это происходит по той причине, что полипептид представлен последовательностью элементов, соответствующих примерно 20 типам многообразий, причем длина и подвижность полипептида и потенциальная комбинаторика его элементов (которые тоже могут создавать объединения разных уровней сложности) позволяют формировать практически неограниченное число вариантов заполнения трехмерного пространства.

Заключение

Универсальная роль конверсии в становлении систем заключается в том, что она реализует разнообразие возможных направлений взаимодействия (отношений) между элементами системы и системами окружения, тогда как отбор сохраняет те системы, изменения в которых способствуют направленному развитию системы.

На ранних этапах становления конверсии и отборы могли быть характерны как для живых, так и неживых систем. Поэтому можно предположить, что начальные этапы становления живых и неживых систем не различались и протекали взаимосвязанно [10]. Организационные различия между ними появились ко времени освоения живыми системами конверсии, воплощающей последовательность событий в потоке становления в последовательность элементов в структуре выделенного объекта. Другими словами, живые системы научились сохранять и воспроизводить опыт прошлого на природных носителях, что и дало повод известному математику Джону фон Нейману считать ДНК софтом живого вычислительного устройства. Ответ на вопрос, как это произошло, составляет задачу будущих исследований.

Зафиксированный в последовательностях элементов у полимеров живых систем порядок C относится к пространствам типа R^1 . Воспроизводство этого порядка с созданием сети выделенных объектов тоже заслуживает отдельного рассмотрения. Здесь важно отметить, что если пространство понимать как поле и помнить, что ни один объект не бывает выделен из поля исчерпывающим образом, то конверсия приобретает новый смысл: взаимодействие гермов из разных пространств эквивалентно взаимодействию самих пространств.

Порядок становления D переводит трансформируемый объект в пространство типа R^3 сразу, как только в этой потенциально живой системе становятся возможными отношения между элементами. Эти отношения не могут быть только внутренними или только внешними, поскольку объект никогда не бывает выделен исчерпывающим образом. Внутренние отношения между элементами важны, ибо только они делают объект системным. Но без внешних отношений само существование объекта становится неопределенным.

Здесь мы вынуждены анализировать отношения отношений, отчего наше исследование попадает в малоразработанную область, которую можно отнести к многозначной металогике. В этом направлении исследований особое место занимают широко распространенные в биологии и социологии транссистемные объекты, т.е. такие системные объекты, элементы которых принадлежат разным системам с хорошо обозначенными контурами, в то время как контуры транссистемных объектов явно не обозначены (к ужасу Г. Бейтсона, можно заметить, что такие контуры могут объединять (особым образом, не смешивать!) «ментализм» и «физикализм»). Таковы, например, системы кальцийзависимых киназ в

клетке или коррупционные образования в обществах. Отсутствие явных контуров и связей не мешает этим элементам создавать свой функционально выделенный по некоторому отношению транссистемный объект, вещественные элементы которого рассредоточены и глубоко завязаны как элементы других систем.

Важно, что исследование конверсии обнаруживает разнообразие порядков в процессе становления. Хотя об информационном содержании последовательностей биополимеров написано и сказано немало, исследования потоков порядка в процессе становления действительности далеки до завершения. Так, описывая превращения порядка последовательности триплетов мРНК в порядок последовательности аминокислотных остатков, исследователи мало уделяют внимания тому факту, что и в отсутствие мРНК синтез полипептида из свободных аминокислот сам по себе является важным информационным событием. В неупорядоченном множестве аминокислот, по-видимому, существует потенциал некоего предпорядка (как это предполагалось в ранних работах Д. Крама с соавторами [24]), воплощенного затем в частично упорядоченном полипептиде, но он скрыт от наблюдения и обычно никак не учитывается. Это сильно обедняет представление об эволюции живых систем, поскольку порядок D , возможно, содержательно более емкий, чем порядок C . Обогащение последовательности порядком C и затем D можно истолковать как итерационные действия становления, направленные на создание все более сложно организованных пространств.

ЛИТЕРАТУРА

1. Бейтсон Г. Экология разума. М.: Смысл, 2000. 148 с.
2. Богданов А.А., Сумбатян Н.В., Шишкина А.В., Карпенко В.В., Коршунова Г.А. Рибосомный туннель и регуляция трансляции // Успехи биол. химии. 2010. Т. 50. С. 5–42.
3. Голдблатт Р. Топосы. Категорный анализ логики. М.: Мир, 1983. 487 с.
4. Грибов В.Н. Квантовая электродинамика. Ижевск: НИЦ «РХД», 2001. 288 с.
5. Громов М. Кольцо тайн: вселенная, математика, мысль. М.: МЦНМО, 2017. 288 с.
6. Гудименко А.И., Гузев М.А., Журавлёв Ю.Н. Применение теории категорий к описанию фундаментальных событий онтогенеза // Дальневост. мат. журн. 2016. Т. 16, № 2. С. 147–159.
7. Дарвин Ч. Происхождение видов путем естественного отбора или сохранение благоприятных рас в борьбе за жизнь: пер. с англ. СПб.: Наука, 1991. 539 с.
8. Джонстон П.Т. Теория топосов. М.: Наука, 1986. 220 с.
9. Жимулёв И.Ф. Общая и молекулярная генетика. Изд. 4-е. Новосибирск: Сиб. унив. изд-во, 2007. 479 с.
10. Журавлёв Ю.Н., Гузев М.А. Квантовые аспекты изучения жизни // Вестн. ДВО РАН. 2014. № 5. С. 5–17.
11. Журавлёв Ю.Н., Гузев М.А., Гудименко А.И. Модульная организация биосоциальных систем // Вестн. ДВО РАН. 2016. № 2. С. 5–23.
12. Журавлёв Ю.Н., Гузев М.А., Гудименко А.И. Синтез белка как объект физико-математического исследования и моделирования // Сиб. электрон. мат. изв. 2019. Т. 16. С. 340–368.
13. Зайцева Г.Л. Дактилология. Жестовая речь. М.: Просвещение, 1991. 159 с.
14. Кунин Е. Логика случая. О природе и происхождении биологической эволюции. М.: Центрполиграф, 2014. 528 с.
15. Макарова Т.М., Богданов А.А. Рибосома как аллостерически управляемая молекулярная машина // Успехи биол. химии. 2017. Т. 57. С. 3–323.
16. Саймон Г. Науки об искусственном. Изд. 2-е. М.: URSS, 2004. 142 с.
17. Спирин А.С. Молекулярная биология. Рибосомы и биосинтез белка. М.: Академия, 2011. 496 с.
18. Стоник В.А. Биомолекулы. Владивосток: Дальиздат, 2018. 640 с.
19. Тейлор Д., Грин Н., Стаут У. Биология. Т. 3. М.: Мир, 2004. 451 с.
20. Уэй Т.А. Физические основы молекулярной биологии. Долгопрудный: Интеллект, 2010. 363 с.
21. Фейнман Р. Квантовая электродинамика: пер. с англ. Новокузнецк: Физ.-мат. ин-т, 1998. 216 с.
22. Хокин С., Млодинов Л. Кратчайшая история времени. СПб.: Амфора, 2014. 180 с.
23. Baez J. Topostheory in a nutshell. 2017. – <http://math.ucr.edu/home/baez/topos.html>
24. Cram D.J., Stewart K.D., Goldberg I., Trueblood K.N. Complementary solutes enter nonpolar preorganized cavities in lipophilic noncomplementary media // J. Amer. Chem. Soc. 1985. Vol. 107. P. 2574–2575.
25. Crick F. Central dogma of molecular biology // Nature. 1970. Vol. 227. P. 561–563.
26. Gould S.J., Eldredge N. Punctuated equilibrium comes of age // Nature. 1993. Vol. 366. P. 223–227.

27. Lawvere F.W. Variable quantities and variable structures in topoi // *Algebra, Topology, and Category Theory* / eds A. Heller, M. Tierney. N. Y.: Acad. Press, 1976. P. 101–131.
28. Pross A. *What is Life? How Chemistry Becomes Biology*. Oxford: Univ. Press, 2012. 208 p.
29. Šponer J., Bussi G., Krepl M., Banáš P., Bottaro S., Cunha R.A., Gil-Ley A., Pinamonti G., Poblete S., Jurečka P., Walter N.G., Otyepka M. RNA Structural dynamics as captured by molecular simulations: A comprehensive overview // *Chem. Rev.* 2018. Vol. 118. P. 4177–4338.
30. Zhuravlev Yu.N. Definition by means of indefiniteness (comment) // *J. Biomol. Struct. Dyn.* 2012. Vol. 29. P. 643–644.
31. Zhuravlev Yu.N., Guzev M.A., Skurichin E.E. Modeling ontogeny in biology // *Int. J. Adv. in Computer Sci. & Its Applications*. 2015. Vol. 5. P. 314–320.
32. Zhuravlev Yu.N. On the complex nature of primordial biological objects // *Paleontol. J.* 2013. Vol. 47, N 9. P. 1061–1064.
33. Zhuravlev Yu.N., Guzev M.A., Skurichin E.E. Towards the manifold representations of biological object // *J. Biomol. Struct. Dyn.* 2013. Vol. 31. P. 70–71.
34. Zhuravlev Yu.N., Guzev M.A., Skurichin E.E. Towards the mathematical models of ontogeny for functional genomics // *Abstr. BIT's 4th Annual World Congress of Mol. Med.* Haikou, China, 2014. P. 252.