

UDC 581.143.4 + 576.8

HEMOGLOBIN AND SOURCES OF THE GENETIC CODE

L. Telepneva, research associate
Mechnikov Institute of Microbiology and Immunology, Ukraine

Origins of selection of proteinogenic amino acids and the genetic code are explained.

Keywords: hemoglobin, amino acid, nucleosome, genetic code.

Conference participant,
National championship in scientific analytics,
Open European and Asian research analytics championship

УДК 581.143.4 + 576.8

ГЕМОГЛОБИН И ИСТОКИ ГЕНЕТИЧЕСКОГО КОДА

Телепнева Л.Г., науч. сотр.
Институт микробиологии и иммунологии им. И.И. Мечникова,
Украина

Объяснены истоки выбора протеиногенных аминокислот и генетического кода.

Ключевые слова: гемоглобин, аминокислота, нуклеосома, генетический код.

Участник конференции,
Национального первенства по научной аналитике,
Открытого Европейско-Азиатского первенства по научной аналитике

Гемоглобины, как и липидно-белковые мембраны, найдены и у прокариот, и у эукариот (причем, у последних – во всех царствах). Представители этих составляющих живой природы у различных организмов существенно различаются между собой по структуре и физико-химическим свойствам. Довольно часто у одного организма можно обнаружить несколько гемоглобинов и до 1000 разновидностей липидов, иногда близких по свойствам, а порой и сильно различающихся по структуре и функциям. Гетерогенность гемоглобина и липидов может различаться и еще по одному признаку: их формы могут кодироваться как различными генами, так и быть продуктами посттрансляционной модификации.

Заметим также, что внеклеточный гемоглобин имеется у многих беспозвоночных, причем его молекулярный вес достигает огромных величин, поскольку у некоторых двусторчатых моллюсков субъединицы образуют ансамбли с молекулярной массой 8000–12000 кДа. Для сравнения приведем молекулярные массы гемоглобина других биообъектов: млекопитающих – 66 000–68 000, птиц, рыб, земноводных, пресмыкающихся – 61 000–72 000, у беспозвоночных (у которых гемоглобин растворён в плазме) – до 3 000 000 [Топунов А.Ф., 2001]. Идентичные липиды также могут образовывать на поверхности клеток большие ансамбли – рафты, лишённые большинства трансмембранных белков. Однако максимальный размер рафтов не превышает 100 нм. Кроме того, установлено, что некоторые липиды могут иметь размеры, близкие к размерам молекул

воды. Такие же размеры характерны и для объединения трех молекул холестерина, отобранных, в свою очередь, в «водно-липидных» системах с участием трех молекул воды [Телепнева Л.Г., 2012].

Липидный компонент мембраны – это не просто пассивный носитель белков, но и равноправный участник большинства биохимических процессов. К тому же липидный состав мембраны тщательно оптимизирован эволюцией и позволяет создать необходимые условия для корректной и эффективной работы мембранных белков. Также установлено, что некоторые ферменты, участвующие в синтезе холестерина и сфинголипидов, необходимы для доставки рафтовых белков в мембрану клетки [Чугунов А.О., 2012].

Липидно-белковые мембраны клеток организма осуществляют множес-

тво важнейших функций. К их числу относятся: барьерная, информационная (генерация и передача нервного импульса), преобразование энергии, регуляция, активный транспорт (при помощи биологических каталитических систем (БКС)).

Приведенные выше факты дают основание одновременно рассматривать БКС, представленные на рис. 1, как БКС, созданные на основе не только гемоглобиновых (белковых) элементов, но и липидов (и даже нуклеиновых оснований).

Общеизвестно, что все БКС оптимально работают в строго определенном интервале значений pH. Между двумя димерами в тетрамерной молекуле БКС (в том числе и гемоглобина) возникают, в основном, полярные (ионные и водородные) связи. Вследствие этого при изменении pH среды в кислую или щелочную сто-

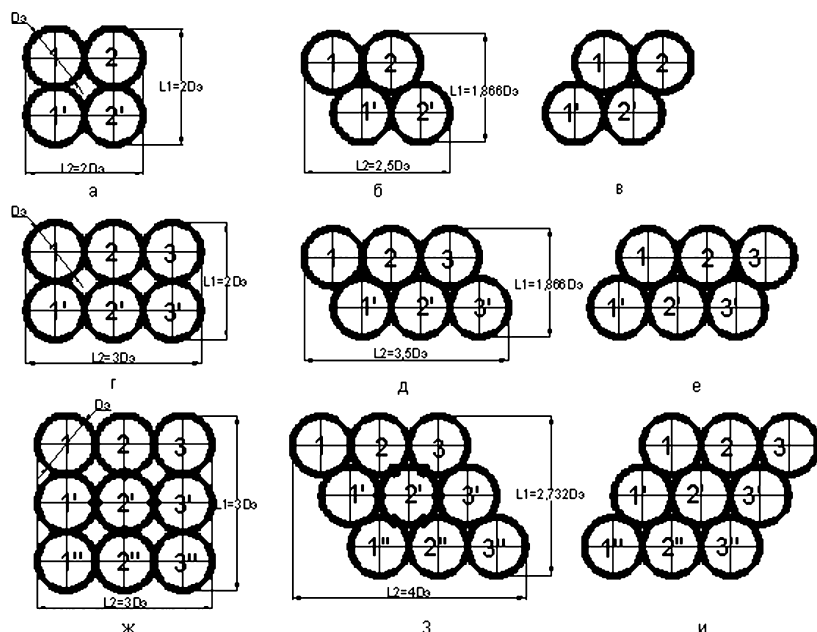


Рис. 1. Эволюция БКС от 4-х элементарных до 9-ти элементарных

рону, в первую очередь, будут разрушаться связи между димерами (рис. 1а – рис. 1в). Это обстоятельство будет содействовать появлению новых конформаций БКС. Следовательно, для оптимальной работы БКС важно было отобрать вещества (включая и аминокислоты), обладающие максимальной комплементарностью к её субъединицам (элементам), учитывая возможность перехода этих биоструктур из R-конформации, характерной для средних значений pH её рабочего диапазона (рис. 1а, рис. 1г и рис. 1ж), в одну из двух T-конформаций, характерных для крайних значений pH этого же диапазона (остальные схемы на рис. 1).

Причем БКС, содержащие по девять субъединиц (рис. 1ж, 1з, 1и), окончательно определили круг протеиногенных аминокислот в количестве 20, которые стали в дальнейшем кодироваться генетическим кодом и включаются в белки в процессе трансляции. Данное число аминокислот легко определяется из схем БКС, представленных на рис. 1ж-1и. Оно равно сумме реакционных каналов БКС, в каждый из которых могла попадать аминокислота. В двух T-конформациях БКС образуют по восемь малых реакционных каналов (МПК) и четыре больших реакционных канала (БРК) появляется при их нахождении в R-конформации. Таким образом, БКС в трех конформациях могла образовать всего лишь 20 каналов. Этим числом и ограничен перечень классических (протеиногенных) аминокислот.

Следует также отметить, что именно девятиэлементная БКС объясняет не только наличие 64 кодонов в генетическом коде, но и максимальное количество кодонов для одной и той же аминокислоты (шесть). Данная сумма кодонов-«лагунов», имеющих одинаковую площадь при любой конформации БКС, для всех аминокислот определяется следующим образом: по три лагуны имеет 16 МПК и по четыре лагуны имеют 4 БРК. Сумма 48 и 16 лагунов как раз и дает 64 кодона, подтвержденных практикой исследования генетического кода. Следовательно, кодон – это уточнение места расположения аминокислот в биоструктуре, т.е. нахождение её в

одной из лагунов, берега которой образованы образующими двух субъединиц БКС, к которым данная аминокислота обладает максимальной комплементарностью. Это свойство аминокислот закрепилось затем в «мнимой двоичности» генетического кода. Однако и третья субъединица триплета не менее важна, ибо, взаимодействуя с двумя предыдущими субъединицами биоструктуры, она превращала данную лагуну в канал, лишая тем самым попавшую туда аминокислоту сразу же четырех степеней свободы.

Попутно отметим, что 3 кодона - UGA, UAG и UAA - в настоящее время рассматриваются как сигнализирующие об остановке трансляции полипептидной цепи. В силу этого их называют стоп-кодонами. Однако, порой, стоп-кодон UGA прочитывается как 21-я аминокислота селеноцистеин или как 22-я аминокислота пирролизин, UAG и UAA как аминокислоту глицин, а гриб *Candida* интерпретирует РНК-кодон CUG не как лейцин, а как серин.

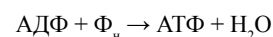
Существование таких вариаций свидетельствует о возможной эволюции генетического кода, основы которого во многом были заложены девятиэлементными БКС. Благодаря наличию вариаций генетический код называют квазиуниверсальным. Кроме того, эти факты подтверждают предположение о том, что структуру и свойства биообъекта во многом формирует окружающая среда.

Описанные особенности взаимодействия липидов и аминокислот в липидной БКС впоследствии были использованы живой природой при создании объемных липопротеинов, состоящих из элементарных частиц липопротеинов (ЭЧЛП); липидно-белкового слоя клеточных мембран, состоящего, в свою очередь, из плоской формы существования таких же липопротеидов (липопротеинов), а также в процессах пиноцитоза, фагоцитоза и экзоцитоза.

На схемах БКС, представленных на рис. 1, отчетливо видно, как чрезвычайно бережлива и изобретательна природа в достижении своих целей. Так, для создания одного БРК гемоглобиновой БКС было использовано 4 идентичные субъединицы (рис. 1а), а

при создании двух таких же реакционных каналов - только шесть (1г), а для четырех - всего лишь 9 (рис. 1ж). Глядя на получившуюся зависимость: 1-4; 2-6, 4-9, невольно вспоминается высказывание Алисы Анн Бейли (Alice Ann Bailey (16. 06. 1880 – 15.12. 1949), из её книги «Лучи и посвящения»: «...число служит ключом к форме, скрывающей жизнь, и замыслу в основе этой жизни» [Бейли А., 2003].

В этой связи отметим, что по четырехэлементной схеме БКС работают не только гемоглобиновые молекулы, но и гистоносовые БКС белкового кода нуклеосом и аденозинтрифосфат синтазы (АТФ-синтазы) – класс ферментов, синтезирующих аденозинтрифосфат (АТФ) из аденозиндифосфата (АДФ) и неорганических фосфатов. Однако все эти БКС еще не могут самостоятельно вырабатывать энергию. Так, энергию АТФ-синтаза часто получает от протонов, проходящих по электрохимическому градиенту, например из просвета хлоропласта в его строму, или же из межмембранного пространства в матриксе митохондрии. Реакция синтеза такова:



Очередное природное новшество, направленное, в первую очередь, на увеличение производительности БКС, в зависимости от увеличения числа элементов, как раз и объясняет причину появления ансамблей гемоглобиновых молекул и липидных рафтов у многих представителей живой природы, а также переход от четырехэлементной БКС с биоструктурам с большим числом субъединиц.

Следует также особо подчеркнуть, что в эволюции БКС, представленной на рис. 1, максимально отчетливо виден переход количества в качество. Так, в реакционные каналы уже шестизэлементной белковой БКС, помимо её в субстратов, могут попадать и молекулы АТФ, превращая данные биоструктуры в различные «...-азы».

С другой стороны, увеличение числа реакционных каналов позволило различным БКС включать в свой состав и названные выше АТФ-синтазы, образуя, в первую очередь, различные каналы для неорганических

элементов: H₂, Ca, Na и так далее.

В результате такого объединения БКС появились различные хемоактивируемые (открывающиеся только в ответ на действие определенных химических реагентов – гормонов, медиаторов, pH и т. п.) и потенциальноактивируемые (открывающиеся только в ответ на изменения электрического поля на мембране) каналы. Последние из названных выше систем активного ионного транспорта способны пропускать только натрий, только калий либо только кальций. Системы, обеспечивая постоянство концентраций определенных ионов в клетках, играют чрезвычайно важную роль в поддержании уровня потенциала покоя клетки. Таким образом, уже шестисубъединичные БКС могли преобразовывать химическую энергию в механическую, периодически сдвигающую их димеры относительно друг друга. Благодаря этому новшеству данные биоструктуры, как и последующие стали менее зависимыми от условий внешней среды.

Однако, главное, и по-настоящему истинное биологическое чудо, определившее многие основные свойства жизни, и также возникающее при увеличении числа элементов БКС, представлено на рис. 1ж, 1з, 1и. Это – суперэлемент БКС – субъединица, имеющая во всех конформациях такой БКС максимальное количество связей (представленных на этих схемах кружками) по сравнению с другими элементами (четыре – в R-конформации и по шесть в двух T-конформациях).

Помимо этого, данный суперэлемент девятиэлементной БКС (рис. 1), в отличие от других идентичных ему субъединиц, сразу же становится обладателем и еще целого ряда замечательнейших свойств. Так, через него проходят все оси симметрии данной БКС. К тому же он, в отличие от других элементов БКС, как бы остается в одном и том же месте пространства при любых сменах конформаций, что чрезвычайно важно для биоструктур, не желающих изменять место своего расположения в удобной для них биониче. Помимо того, поскольку суперэлемент такой БКС идентичен и всем остальным субъединицам, то

он может представлять собою даже элемент голограммы этой биоструктуры, поскольку с его помощью можно воспроизводить точную трехмерную копию его БКС.

Учитывая указанные свойства суперэлемента, биоструктурам стало выгодно, чтобы каждый из её элементов становился таким же. Это обстоятельство также способствовало росту числа субъединиц в БКС. Кстати достаточно к системе добавить еще 14 идентичных субсубъединиц, чтобы начальные 9, в свою очередь, стали суперэлементами [Телепнева, 2012]

Отметим также, что суперэлемент девятисубъединичных БКС мог определять и свойства веществ, с ним непосредственно взаимодействующих и контактирующих. Именно поэтому все кодоны аминокислот с U во втором положении кодируют аминокислоты с гидрофобной боковой цепью (Ile, Leu, Met, Phe и Val).

Благодаря указанному выше свойству суперэлемента, такие липидных БКС окончательно выбрали штат протеиногенных аминокислот. Затем уж суперэлементы нуклеотидных БКС, собираемых по этой же девятисубъединичной схеме, окончательно установили трехнуклеотидный кодон для каждой из них, ибо природа, будучи изначально экономной, неоднократно использует одну и ту же схему работы БКС, меняя материал её субъединиц (например, на белковые субъединицы, образуя при этом ферменты (энзимы)).

Но, прежде чем приступить к описанию особенностей нуклеиновых БКС и их эволюции, сообщим еще о нескольких эволюционных прорывах, совершенных девятисубъединичными липидными БКС. Именно эта разновидность липидной БКС впервые в мире стала воистину объемной [Телепнева], поместившей 1/3 своих субъединиц внутри себя и тем самым, максимально оградившей их от воздействия внешней среды. При этом три названных выше липида взаимодействуют друг с другом своими основаниями, что значительно увеличивает срок жизни таких биоструктур. К тому же и каждый из них, по-прежнему, определяют не только аминокислоту, но и её расположение в одном

из четырех аминокислотных карманов БКС. Кстати, четвертый аминокислотный карман появляется только лишь благодаря кубической конформации данной биоструктуры.

Помимо этого, данная биоструктура, находясь в кубической конформации, почти в девять раз уменьшала поток УФ-облучения, попадающий на её поверхность. Напомним, что свет в диапазоне от дальнего УФ до дальней красной области влияет на разнообразные жизненные функции (подвижность, циклы развития, синтез каротиноидов) не только фототрофных, но и хемотрофных прокариот. Общеизвестно также, что ни одна из двадцати аминокислот, входящих в состав белков, не поглощает свет в видимой части спектра, а только в дальней УФ-области (дальний ультрафиолет (FUV), диапазон – 200 нм – 122 нм, количество энергии на фотон 6.20 – 10.2 эВ). Тирозину, фенилаланину и особенно триптофану свойственно заметное поглощение в УФ области спектра (260–280 нм). Цистин обладает слабым поглощением при 240 нм вследствие наличия в нем дисульфидной группы.

Отмечено также, что чем больше в молекуле число сопряженных двойных связей, тем больше длина волны максимума поглощения данного вещества. Например, молекулы пероксидов жирных кислот, содержащие две сопряженные двойные связи (диеновые конъюгаты), имеют максимум поглощения 233 нм. Продукты пероксидного окисления липидов, содержащие три сопряженные двойные связи (триеновые конъюгаты), имеют максимум поглощения 260–280 нм. Ретиналь, молекулы которого содержат 6 сопряженных двойных связей, характеризуется максимумом поглощения 360 нм [Телепнева Л. Г., 1986].

Особо подчеркнем, что данная биоструктура стала первым биологическим объектом, собирающимся из двух целых мономеров (содержащих по три липида с взаимодействующей с ними аминокислотой) элементарной частицы липопротеина (ЭЧЛП) и одного, разобранного на части мономера. В силу этого обстоятельства, с этой поры уже никакая биоструктура с участием ЭЧЛП не будет собираться

только из отдельных субъединиц.

Однако, такая сборка ЭЧЛП в начале была чревата высокой вероятностью утраты третьей аминокислоты, аналогичной двум оставшимся в данной биоструктуре. Это, в дальнейшем, отразилось и на числе аминокислот, имеющих по два кодона-синонима.

Причем число, аминокислот, имеющих по два кодона-синонима в действительности гораздо больше (и равно 18), чем привычно перечисляют, поскольку число кодонов-синонимов у аминокислот (кроме Met и Trp) либо равно 2 (Asn, Asp, Cys, Gln, Glu, Yis, Lys, Phe, Tyr), либо же значительно превышает это число. Так, четыре кодона имеют три аминокислоты: Ala, Pro и Thr – малые по размеру аминокислоты, отобранные биосистемами, в которых роли суперэлемента выступало пиримидиновое производное – цитозин (C) [Ратнер В.А., 2000], что косвенно свидетельствует о древности этого нуклеотида, а также Gly (отобранной биосистемами, в которых роль суперэлемента выполняло пуриновое производное – гуанин (G), комплементарный C), и Val (отобранной биосистемами в которых роли суперэлемента выступало второе пиримидиновое производное – урацил (U), что косвенно свидетельствует о более древнем происхождении РНК-мира по сравнению с ДНК-овым). Попутно напомним, что третье пиримидиновое производное тимин (T) комплементарно второму пуриновому производному – аденину [Азимов А., 2006].

В случае повреждения наружных субъединиц ЭЧЛП, её субъединицы, помещенные внутри такой кубической биоструктуры, выставлялись на место поврежденных и постепенно расходовались. Поскольку эти субъединицы составляли 1/3 всех субъединиц биоструктуры и S наружных элементов, имеющие их БКС значительно увеличили время своего существования.

Со временем липидно-аминокислотная биоструктура (рис. 1) уже могла довольно длительно взаимодействовать и переносить на достаточно большие расстояния не только девять липидных молекул, но и одновременно с ними еще и от одной до четырех аминокислот. Причем, обладая наличием суперэлемента,

такая ЭЛПЧ, утратив один из наружных элементов (аминокислоту или же наружный липид), была уже способна точно восстанавливать свою первоначальную структуру, заимствуя подобный элемент из окружающей среды. Благодаря этому свойству биоструктуры стали не только открытыми, но и более долгоживущими, что не замедлило сказаться на бурном развитии преджизни на нашей планете.

Поскольку девятисубъединичная биоструктура, находясь в развернутой (плоской, горизонтальной) конформации обладала минимальной величиной плавучей плотности, а, находясь в объемной – кубической – самой максимальной, ЭЧЛП уже могла совершать вертикальные путешествия в водных объемах самостоятельно, а не только с током воды. Это свойство ЭЧЛП дополнительно помогало ей регулировать поток электромагнитной энергии, попадающей на поверхность её субъединиц. Однако описанная выше способность ЭЧЛП к вертикальной миграции невольно приводила эти биоструктуры к циркадному ритму, связанному со сменой дня и ночи. Благодаря вышеописанному свойству ЭЧЛП современные бактерии и зоопланктон населяют всю толщу вод до максимальных глубин, а некоторые современные жизненные формы могут в течение суток перемещаться вертикально от сотни до тысячи метров. Это воистину всепланетное явление, называемое суточной вертикальной миграцией способствовало не только скорейшему распространению этих ЭЧЛП по всей планете, но и их усиленному многообразию.

Повышенная живучесть ЭЧЛП позволяла этим биоструктурам находить идентичные биоструктуры. Поскольку молекулам энергетически выгоден контакт с себе подобными,

это обязательно приводит к созданию объединенной биоструктуры. Причем эти ЭЧЛП могли контактировать друг с другом, создавая новые биосистемы, включающие в свой состав три и более последовательно соединенных ЭЧЛП.

Поскольку в одном аминокислотном кармане такой БКС можно было собрать не только 400 дипептидов, но и уже 8 000 трипептидов и 160 000 тетрапептидов, эволюционная потребность в аминокислоте (представленной на рис. 2 штрихпунктирной линией сиреневого цвета), соединяющей дипептид (представленный на этом же рисунке двумя треугольниками красного и зеленого цвета) с другими аминокислотами и дипептидами, была огромной. Обратим внимание на тот факт, что её кодон состоял из двух элементов, принадлежащих одной и той же ЭЧЛП, а третий – иной БКС, в том числе, комплементарной предыдущей. Этот факт подтверждают и кодоны трех аминокислот, имеющих максимальное количество кодонов-синонимов (шесть). Так, кодоны аргинина подтверждают объединение двух ЭЧЛП, имеющих суперэлементом G, а 6 кодонов лейцина свидетельствуют о последовательном объединении БКС с суперэлементом U, в то же время как кодоны серина могут свидетельствовать о последовательном соединении биосистемы с суперэлементом C и системы с суперэлементом G, комплементарным C.

Попутно напомним, что, если исключить терминирующие кодоны, то наличие A во втором положении определяет полярную или заряженную боковую цепь аминокислоты (Tyr, His, Gln, Asn, Lys, Asp и Glu). Таким образом, химические свойства разных аминокислот находят довольно четкое отражение в структуре генетического кода.

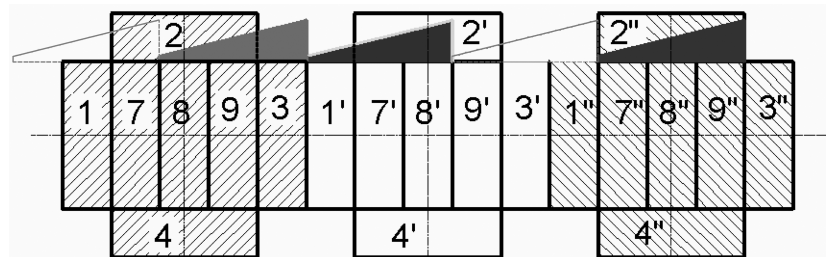


Рис. 2. Линейное объединение трех ЭЧЛП

Помимо генетического кода, часто говорят и о нуклеосомном коде, поскольку сочетание кода считывания и кода блокировки как раз и определяет, во что превратится данная клетка при развитии организма из зародыша. Однако о истоках этой разновидности клеточного кода будет сообщено в следующей статье.

Закключение. 1. Тщательное изучение свойств гемоглобина и эволюции БКС помогло раскрыть многие тайны генетического кода. Так, число классических аминокислот (20) равняется числу реакционных каналов в трех плоских конформациях 9-тисубъединичных БКС, получивших, благодаря четвертой – объемной, воистину планетарное распространение.

2. Число кодонов генетического кода (64) равно числу лагун в вышеназванных каналах БКС. Максимальное число кодонов-синонимов (6) для одной и той же аминокислоты определяется числом реакционных каналов, образуемых непосредственно с помощью суперэлемента биостистемы. Максимальное количество аминокислот, обладающих числом кодонов-синонимов, равным двум и четырем, определялось условиями сборки девятисубъединичных БКС при смене конформаций.

3. Наличие суперэлемента в БКС не только определило свойства веществ, попадающих в них, но и сделало их самовосстанавливающимися и открытыми биоструктурами.

4. Увеличение числа субъединиц в биоструктурах способствовало не только увеличению их производительности, но и обретению собственного источника энергии (АТФ, ГТФ и т.д.). В названных источниках энергии происходило превращение энергии химической связи в механическую, используемую на перемещения в пространстве составляющих этих БКС.

5. Увеличение числа ЭЧЛП привело к их взаимодействию и образованию дипептидов и прочих разновидностей пептидов и белков, упрочивших собою данные биоструктуры.

References:

1. Topunov A.F., Petrova N.Je. Gemoglobiny: jevoljucija, rasprostranenie i geterogenost' [Hemoglobins: evolution, distribution and heterogeneity], *Uspеhi biologicheskoi himii* [Successes in biological chemistry]. – 2001., Vol. 41., pp. 199-228.
2. Telepneva L.G. Pervye lipidnye BKS i lipoproteiny kletok i krovi [First lipid BCS and lipoproteins of cells and blood]., *Electronic resource.*, Access mode: <<http://gisap.eu/ru/node/5400>>.
3. Chugunov A.O., Poljanskij A.A., Efremov R.G. Lipidnyj fundament zhizni [Lipid basis of life], *Priroda* [Nature]. – 2012., No 3., pp. 3-12.
4. Bejli Alisa. Luchi i posvjashhenija: Traktat o semi luchah [Rays and initiations: Seven rays treatise]. Volume 5., - Moskva., Publisher Navna, 3, 2003., 752 P.
5. Telepneva L.G. Glavnyj biologicheskij zakon i rezul'taty ego voploshhenija na primere biologicheskikh katalizirujushhih system [The main biological law and results of its implementation on the example of biological catalyzing systems]., *Electronic resource.*, Access mode: <<http://gisap.eu/ru/node/5400>>, [<http://nlo-mir.ru/tehnologi/5734-2011-11-28-12-08-41.html>].
6. Telepneva, L.G. Ul'trafiol'etovoe obluchenie krovi na sluzhbe zdorov'ja [Ultraviolet irradiation of blood serving health]., L.G. Telepneva. - Harkov., 1986., 47 P. (Preprint / AN USSR. FTINT, 1-86).
7. Ratner V.A. Geneticheskij kod kak sistema [The genetic code as a system], *Sorosovskij obrazovatel'nyj zhurnal* [Soros educational journal], 2000, 6, No 3, pp. 17-22.
8. Azimov A. Geneticheskij kod. Ot teorii jevoljucii do rasshifrovki DNK [The genetic code. From the theory of evolution to the DNA decoding]. - Moskva., Centrpoligraf, 2006., 208 P.

Литература:

1. Топунов А.Ф., Петрова Н.Э. Гемоглобины: эволюция, распространение и гетерогенность // *Успехи биологической химии.* – 2001. - Т. 41. - С. 199-228.
2. Телепнева Л.Г. Первые липидные БКС и липопротеины клеток и крови. [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <<http://gisap.eu/ru/node/5400>>.
3. Чугунов А.О., Полянский А.А., Ефремов Р.Г. Липидный фундамент жизни // *Природа.* – 2012. - №3. – С. 3-12.
4. Бейли Алиса. Лучи и посвящения: Трактат о семи лучах. Том 5. - М.: Издательство: Навна - 3, 2003. – 752 с.
5. Телепнева Л. Г. Главный биологический закон и результаты его воплощения на примере биологических катализирующих систем. [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <<http://gisap.eu/ru/node/5400>>, [<http://nlo-mir.ru/tehnologi/5734-2011-11-28-12-08-41.html>].
6. Телепнева, Л.Г. Ультрафиолетовое облучение крови на службе здоровья [Текст] / Л. Г. Телепнева. - Х., 1986. - 47 с. (Препринт / АН УССР. ФТИНТ, 1-86).
7. Ратнер В.А. Генетический код как система // *Соросовский образовательный журнал*, 2000, 6, № 3, с. 17-22.
8. Азимов А. Генетический код. От теории эволюции до расшифровки ДНК. – М.: Центрполиграф, 2006. – 208 с.

Information about author:

Ludmila Telepneva - research associate, Mechnikov Institute of Microbiology and Immunology; address: Ukraine, Kharkov; e-mail: ltelepneva@mail.ru

Сведения об авторе:

Телепнева Людмила - научный сотрудник, Институт микробиологии и иммунологии им. И.И.Мечникова; адрес: Украина, Харьков; электронный адрес: ltelepneva@mail.ru