

ВНОВЬ О СООТНЕСЕННОСТИ ЯЗЫКА И ГЕНЕТИЧЕСКОГО КОДА

© 2016 г. Сурен Тигранович Золян

Институт философии, социологии и права Национальной Академии Наук Армении,
Ереван, 0010, Армения
surenzolyan@gmail.com

С самого начала зарождения генетики было осознано глубинное сходство между языком и процессами обработки и передачи генетической информации. Еще в 1970 г. Р. Якобсон сформулировал проблему соответствий между языком и генетическим кодом как кардинальную для лингвистики. Были предприняты попытки дешифровки кодирующих белки нуклеотидных последовательностей. Однако они не привели к существенным результатам, поскольку эти методики были слабо связаны с методами современной лингвистики, они ограничивались процессами декодирования, что в лучшем случае позволяет составить словарь единиц, но не описать язык и выявить определяющие для коммуникации структуры смысла и текста. Так, до сих пор остаются невыясненными функции порядка 90 % некодирующих последовательностей ДНК. В должной мере не учитывалось то, что только текст (а не знак) может рассматриваться как объект процесса создания — передачи — сохранения — преобразования информации.

Между тем новейшие открытия показали возможность управления трансгенной экспрессией посредством мыслительной деятельности, что подтверждает необходимость рассматривать процессы обработки генетической информации как коммуникацию. Предлагается рассматривать геном как гипертекст, состоящий из упорядоченного подмножества других текстов. Текст может быть рассмотрен как квазиорганизм, обладающий памятью, креативно-когнитивными характеристиками и коммуникативным потенциалом, а клетка (ее рибосома) — как обладающая квазиинтеллектом и способностью оперировать абстрактными семиотическими последовательностями. В качестве фрагмента подобного описания мы предлагаем рассмотреть синтез белка (генетическую трансляцию) как лингво-семиотический процесс, показав, что «чтение» клеткой генетической информации разделяет существенные характеристики «чтения» текста человеком. Предварительные результаты позволяют углубить отмеченные еще Р. Якобсоном фундаментальные характеристики, сближающие язык и генетический код, и добавить новые: аналог дихотомии языка и речи, знаковый характер генетической информации (наличие означающего и означаемого), разграничение между знаком в системе (type) и в тексте (token).

Ключевые слова: генетическая трансляция, генетический код, геном, гипертекст, текст как квазиорганизм

RETHINKING THE CORRELATIONS BETWEEN LANGUAGE AND GENETIC CODE

Suren T. Zolyan

Institute of Philosophy, Sociology and Law, National Academy of Sciences of Armenia, Yerevan,
0010, Republic of Armenia
surenzolyan@gmail.com

The deep similarity between language and genetic information transmission processing was recognized from the very foundation of genetics. As early as in 1970, R. Jakobson formulated the issue of correlations between language and the genetic code as pivotal for linguistics. A lot of attempts have been made to use linguistic methods for deciphering protein genes. However, this has not led to significant results,

as far as this kind of technique is limited by the processes of encoding and at best helps to compile a dictionary of units, but is not capable of describing a language and identifying the semantic and textual structures, which are decisive for communication. Thus, functions of the huge amount of non-coding DNA (approximately 90%) still remain unclear. It was insufficiently taken into account that only text (but not sign) should be regarded as an object of creation — transmission — conservation — transformation of information.

Meanwhile, recent research has discovered the possibility to control transgenic expression through mental activity. This compels us to consider the processing of genetic information as communication. We suggest to regard the genome as a hypertext consisting of ordered subsets of other texts. The text itself can be viewed as a quasi-organism having its own memory, creative-cognitive characteristics and communicative force; the cell (its ribosome) — as a quasi-intelligence able to operate with abstract semiotic entities. As a fragment of such an approach, we propose to describe protein synthesis (genetic translation) in terms of linguistic and semiotic processes, demonstrating that the «reading» of genetic information by the cell is endowed with the essential characteristics of human «reading».

Our preliminary results make it possible to extend the R. Jakobsonian set of fundamentals bringing together language and processes of genetic coding and to add some characteristics: an analogue of dichotomy of language and speech, semiotic nature of genetic information (presence of the signifier and the signified), distinction between the sign within grammar (type) and within text (token).

Keywords: genetic code, genetic translation, genome, hypertext, the text as a quasi-organism

Введение

Проблема и ее (пред)история

Аналогии между языком и геномом лежат на поверхности. Именно благодаря им в свое время была сформирована исходная терминология генетики, они же стали основой для расхожих метафор (как, например, «язык жизни» или «язык Бога» — названия научно-популярных книг руководителя мегапроекта по расшифровке генома Френсиса Коллинза [Collins 2006; 2009]). Между тем еще в самом начале новейшего этапа молекулярной биохимии Роман Якобсон, учитывая также идеи своего собеседника в цикле передач французского телевидения в 1960-х гг., первооткрывателя информационной РНК, нобелевского лауреата Франсуа Жакоба, как и других выдающихся генетиков того времени, пронизательно заметил, что речь должна идти не о «переносных выражениях», а о необычайно высокой степени подобия между системами передачи генетической и вербальной информации («extraordinary degree of analogy between the systems of genetic and verbal information» [Jakobson 1970: 437]). Он выделил те фундаментальные и уникальные характеристики и принципы организации, которые роднят между собой генетический код и язык и которые отсутствуют в других системах передачи информации — будь то биосистемы, коммуникация в животном мире или же формальные языки. Как нам представляется, эти характеристики хоть и неоднократно упоминались впоследствии, но по отдельности. В системном и полном виде они представлены только в пионерской статье Р. Якобсона. Поэтому имеет смысл воспроизвести их.

1. Субъединицы генетического кода сопоставимы с фонемами. Среди всех коммуникативных систем только генетический код и язык основаны на дискретных компонентах, которые сами по себе не имеют значения, но предназначены для построения минимальных значимых единиц, наделяемых внутренним значением в данном коде.
2. Иерархическая организация вербальных и генетических сообщений («consistently hierarchical design of verbal and genetic messages as their fundamental integrative principle»); наличие синтаксических ограничений на дистрибуцию минимальных значимых единиц (кодонов); наличие в генетическом коде средств, подобных фонологической делимитации между предложениями, а внутри предложений — между синтагмами.
3. Строгая линейность («co-linearity of the time sequences») операций кодирования и декодирования сообщений.

4. Контекстная зависимость — как и в случае языковых единиц, «значение кодонов зависит от их позиции в генетическом сообщении», что отличает язык и генетический код от формальных языков.
5. Наличие синонимии, позволяющей избежать частичной омонимии [Jakobson 1970: 438—439].

Эти характеристики выделены также и в [Suhr 2002: 54—55], где пятый признак назван отсутствующим у Р. Якобсона термином «избыточность». К этому следует добавить представляющие особый интерес и намного опередившие свое время еще два наблюдения Якобсона: о дискурсивности и диалогичности вербального и генетического кода (о восьмом — см. в Заключении):

6. По словам Якобсона, «если от синтаксиса перейти в сферу все еще недостаточно разработанного дискурс-анализа», то можно найти соответствия между над-синтаксической «макро-организацией» генетических и вербальных сообщений, приводя как пример — репликоны и сегрегоны.
7. В своих поисках соответствий Р. Якобсон полагается на одну из догм молекулярной генетики — утверждение об однонаправленности и необратимости генетической коммуникации, при которой нет места обмену ролями между адресатом и адресантом. В таких регулятивных процессах, как репрессия и ретроингибция, Якобсон видит пусть и слабые, но проявления диалогичности («a slight molecular parallel to the dialogic nature of speech») [Jakobson 1970: 439].

Однако дальнейшее системное развитие этих идей (особенно двух последних) вряд ли можно считать завершенным. Можно заметить, что попытки проникнуть вглубь проблемы и найти содержательные и структурные аналоги носят волнообразный характер. После того как представлявшееся столь близким решение оказывалось далеко не столь очевидным, интерес к проблематике сошел на нет, оставив как след лишь заимствованную из лингвистики терминологию. Так, в конце 1980-х гг. редакция журнала «Вопросы языкознания» предприняла многообещающую попытку вновь привлечь внимание и развить идеи, родившиеся в ходе диалога между Р. Якобсоном и Ф. Жакобом, поместив в дополнение к опубликованному ранее переводу вышеупомянутой статьи [Якобсон 1985] также и статью [Жакоб 1992] (впервые на франц. — в 1974; на англ. — [Jakob 1977]). Ранее в развитии этих идей в «ВЯ» были опубликованы оригинальные статьи Т. В. Гамкрелидзе [1988] и ведущего специалиста в области биоинформатики М. С. Гельфанда [1990]; в них углублялись и конкретизировались очевидные аналогии между кардинальными принципами организации естественного языка и генетического кода, делались выводы о необходимости их дальнейшего изучения и развития.

К сожалению, поставив ряд вопросов, дискуссия не получила продолжения. Думаем, это не было случайностью. В 1980—90-х гг. были предприняты многочисленные попытки применить лингвистические методы для описания информационных процессов в генетике (см. ниже), но ни одна из них не дала существенных результатов. Вышеупомянутый мегапроект по «расшифровке генома» (т. е. определению порядка расположения нуклеотидов в нуклеиновых цепях человеческой ДНК [Venter et al. 2001; Watson et al. 2001]) позволил описать биохимические структуры гена, что имеет огромное значение для генной инженерии, медицины и эволюционной биологии, но не внес ничего принципиально нового в понимание принципов организации и способов передачи генетической информации.

Как представляется, одной из причин, не давших возможности дальнейшего углубления указанной проблематики, было поверхностное представление о принципах организации языка и текста. В частности, были проигнорированы или просто забыты такие из отмеченных Р. Якобсоном характеристик, как контекстная зависимость и дискурсивный характер генетической информации, не было предпринято попыток от биохимических перейти к семиотическим характеристикам генетической коммуникации. Между тем последние

открытия в генетике позволяют по-новому интерпретировать вопрос о соотношении между структурными принципами лингвистической и генетической информации. Так, сравнительно недавно в одном из наиболее авторитетных естественнонаучных изданий «Nature communication» были опубликованы результаты экспериментов о возможности воздействия мысленной активности на трансгенную экспрессию: ею можно управлять посредством излучаемых мозгом волн [Folcher et al. 2014]. Как отмечают авторы, это открывает новые перспективы в медицине, основанной на методах генной и клеточной терапии. Однако, как представляется, эти результаты создают возможность для существенного переосмысления существующих воззрений о характере функционирования генетической информации. Сам факт возможности управления процессами генетической экспрессии посредством мысленной деятельности может рассматриваться как подтверждение тому, что генетические процессы есть особый тип коммуникации, и они не исчерпываются биохимическими реакциями. Впрочем, это может быть рассмотрено не столько как открытие, требующее пересмотра самих основ молекулярной генетики, сколько как возвращение к некоторым из ее исходных ключевых концепций. Оно вновь привлекает внимание к тому, как проявляется в молекулярной генетике та общая основа, которая роднит ее со всеми иными информационными процессами и системами. Именно такой смысл был заложен в свое время в сам термин «биоинформатика» его создателями (см. позднейшие размышления одного из них [Hogeweg 2011]), однако в настоящее время она понимается скорее как дисциплина, сосредоточенная на компьютерном моделировании и обработке генетических данных. Между тем, если исходить из того, что биомолекулярные процессы есть особый тип информационных процессов, то из этого следует, что они должны разделять наиболее существенные характеристики, общие для всех видов коммуникации. Одним из таких необходимых для осуществления коммуникации свойств является организация сигналов в тексты. При коммуникации имеет место структурирование информации на основе определенных функционально-смысловых характеристик; исходные единицы образуют значимые конфигурации, композиция которых формирует текст. Информативной единицей коммуникации, будь то социальная или биологическая, будет не отдельный сигнал, а некоторая целостная структура, текст. Именно текст есть форма организации информации, если исходить из ее качественных смысловых характеристик (в отличие от основанной на чисто количественных параметрах теории информации К. Шеннона). Речь может идти о единой основе механизмов передачи смысла, а формой и результатом этого процесса является текст, который может быть выражен как в знаках языка, так и в иных носителях информации, в том числе и биологических (генетических). Поэтому имеет смысл вновь вернуться к рассмотрению проблемы лингво-семиотических характеристик генетической информации и возможных перспективах ее развития исходя из подобной, ориентированной на текст и коммуникацию, позиции. Учитывая важность этих процессов, это может стать одним из приоритетных направлений семиотики XX в.; ср. [Иванов 2010: 43—44]. В качестве примера подобного описания, мы предлагаем рассмотреть синтез белка (генетическую трансляцию) как лингво-семиотический процесс, продемонстрировав, что «чтение» («считывание») клеткой генетической информации разделяет сущностные характеристики «чтения» текста человеком. Как мы попытаемся показать в Заключении, такой подход может стать основой для новых направлений в лингвистике, что представляется более эффективным, чем создание методологически достаточно слабо связанных с ней таких «новорожденных» дисциплин, как «протеиновая лингвистика» (см. ниже).

1. Ген как текст и язык: метафора или теория?

Молекулярную генетику принято определять как раздел биологии, изучающий на молекулярном уровне закономерности и механизмы хранения, передачи, реализации и изменения генетической информации. Очевидно, что уже с самого начала интуитивно ощущая глубинное сходство между этими процессами и языком, генетики-первооткрыватели для

обозначения новых явлений всякий раз прибегали к лингвистической терминологии. Так, например, говоря о сущности выдающегося открытия генетики XX в., описания белкового синтеза, Ф. Крик говорит о нем как о взаимодействии «языков» двух биомакромолекул:

Обнаружение генетического кода действительно является великим достижением. Это в определенном смысле ключ к молекулярной биологии, потому что он показывает, как связаны друг с другом два великих полимерных языка: язык нуклеотидов и язык белков [Crick 1966: 9] (здесь и далее перевод наш. – С. 3.).

Впрочем, как справедливо считает В. В. Иванов, использование принципов семиотического анализа даже предшествовало фундаментальному открытию кода ДНК:

В середине XX в. дешифровка генетического кода оказалась возможной, помимо всех других подготовивших ее открытий, еще и потому, что еще до окончательного успеха в описании двойной спирали Криком и Уотсоном была предложена в отчетливом виде Гамовым модель, построенная по аналогии с дешифровкой языкового текста [Иванов 2010: 44].

Идея о знаковой природе гена была очевидна еще для первооткрывателя ДНК Фридриха Мишнера, который в 1892 г. высказал идею о том, что

...генетическая информация может существовать в виде молекулярного текста, линейной последовательности химических символов, а несколько малых химических единиц в составе крупных молекул могут играть наследственную роль, подобно тому, «как все слова и понятия всех языков могут быть выражены посредством всего лишь от 24 до 30 букв алфавита» [Trifonov 2000: 5].

Аналогии между геном и текстом или языком оставили глубокий след в базовой терминологии генетики, однако скорее это были метафоры или даже омонимы: при заимствовании таких терминов, как код, информация, язык, словарь, алфавит, семантика, транскрипция, чтение, полисемия, транскрипт, редактирование и т. п., обычно забывалось их собственно лингвистическое содержание; ср. [Emmeche, Hoffmeyer 1991; Raible 2001; Седов 2000, 2001]. Между тем аналогии с лингвистикой и структурами языка у генома человека гораздо глубже, чем возможность метафорического употребления лингвистической терминологии. Для их описания естественным было обращение к дисциплине, изучающей общие закономерности передачи информации посредством знаковых структур — семиотике. Еще полвека назад синтез семиотики и биологии привел к рождению новой дисциплины — биосемиотики¹. За это время сформировались различные направления и ведущие школы, был достигнут ряд важных результатов (подробный обзор истории и основных направлений биосемиотики см. в [Stjernfelt 2002; Barbieri 2007a; 2007b; 2008a; 2008b; Pattee 2005; Favareau 2007; Kull et al. 2009; Galik 2013], а также [Степанов 1971; Чебанов 2004]). Параллельно с биосемиотикой и частично совпадая с ней, развивается биоинформатика [Elumalai, Eswaraiyah 2013; Hogeweg 2011], а в последнее время также и биолингвистика [Augustyn 2013; Bickerton 2014], биосемантика, биогерменевтика и даже «протеиновая лингвистика» [Gimona 2006; 2008], где также были получены интересные результаты. (Сопоставление методологии и концептуальных принципов этих все еще находящихся в стадии становления дисциплин выходит за рамки данной статьи, тем более, что из комплекса биосемиотики нас интересуют лишь аспекты, связанные с генетическим кодом.)

В биоинформатике генетическую информацию обычно описывают как формальные языки, допускающие соответствующую формализацию, что позволило получить ряд нетривиальных результатов [Searls 1993; 1999; 2002; 2010; Ji 1997; 1999]. Учет принципов организации не только формальных, но и естественных языков и языковых структур мог бы

¹ Сам термин впервые появляется в [Rothschild 1962], получает известность в многочисленных работах Т. Себеока — при изучении коммуникации среди животных [Kull 2003]; Ю. С. Степанов [1971], выделяя биосемиотику как отдельное направление, в качестве основоположника этой дисциплины указывает на работы Якоба фон Икскуля начала XX в.

существенно обогатить подобные модели. На наш взгляд, сложилась парадоксальная ситуация: до сих пор лишь в малой степени прояснены именно те аспекты биосемиотики, где, как это было отмечено еще Р. Якобсоном, аналогии с естественным языком и его дискретными структурами наиболее очевидны, а именно, генетики; ср. [Jakobson 1970; Якобсон 1985; Гамкрелидзе 1988; Gamkrelidze 2009; Жакоб 1992]. Возможно, это было связано с тем, что в биосемиотику был перенесен и характерный для семиотики первой половины XX в. «знакоцентризм», причем в его наиболее последовательной версии, идущей от Чарльза Пирса, согласно которой знак определяется механизмами его интерпретации. Семиотическая теория Фердинанда де Соссюра, в которой знак определяется в первую очередь посредством включающей и конституирующей его системы, насколько мы можем судить, оказалась на биосемиотику куда меньше воздействии, хотя, казалось бы, она адекватнее отображает характер генетического семиезиса². Не была в должной мере использована и ключевая для языкознания XX в. дихотомия языка и речи, т. е. разграничение между некоторой абстрактной системой и реализацией этой системы в конкретном контексте (или, используя терминологию генеративной лингвистики, дихотомия глубинных и поверхностных уровней или структур)³.

Характерное для первооткрывателей генетического кода цельное представление об общности семиотических и генетических процессов, так и не получив адекватной теоретической экспликации, с течением времени становится все менее четким, нередко возникает также и смешение языков описания этих процессов (например, вышеприведенные лингвистические термины начинают описываться исключительно посредством биохимических реакций и т. п.)⁴. Применительно к описанию генетической информации определяющими остаются методы кодирования/декодирования, при которых последовательности нуклеотидов рассматриваются как последовательности букв в словах. Малая информативность такого рода декодирования была предсказуемой — по такой методике в лучшем случае возможно составить словарь, но не описать язык: такими методами невозможно выявить определяющие для коммуникации структуры смысла и текста; ср. [Kull 2002]. Как нам представляется, лишь основанные на понятиях смысла и текста теории могут стать интеграторами структурного описания систем, различных по своей природе и сферам функционирования. На наш взгляд, именно указанное методологическое ограничение, при котором ген и геном рассматриваются не как целостная структура, а как последовательность элементов, не позволило перейти от фиксации некоторых общностей к общезначимым фундаментальным результатам.

Проблема состоит не в том, что одни и те же термины в лингвистике и генетике понимаются по-разному, но, прежде всего, в отсутствии объединяющей методологии. Сложность проблемы требует привлечения новых подходов и перехода от вероятностных моделей

² Напомним: «Можно сказать, что среди всех систем передачи информации только генетический код и языковой код базируются на использовании дискретных компонентов, которые сами по себе не имеют смысла, но служат для построения минимальных единиц, имеющих смысл, т. е. сущностей, наделенных собственным смыслом в данном коде» [Якобсон 1985: 393] (разрядка наша. — С. З.).

³ Здесь уместно вспомнить мысль Эрнста Шредингера: «Но термин шифровальный код, конечно, слишком узок. Хромосомные структуры служат в то же время и инструментом, осуществляющим развитие, которое они же и предвещают. Они являются и кодексом законов, и исполнительной властью или, употребляя другое сравнение, они являются одновременно и архитектором, и строителем» [Шредингер 2002: 28]. Как видим, Шредингер задолго до открытия генетического кода предлагал рассматривать его одновременно и как систему, и как процесс актуализации этой системы.

⁴ Ср.: «В самом деле, в биологии существует масса обобщений, но всего несколько настоящих теорий... Когда в поле зрения оказывается какой-либо абстрактный элемент типа гена, биологи не успокаиваются до тех пор, пока не заменят абстрактную единицу материальными компонентами, частицами или молекулами, словно теория, чтобы играть в биологии какую-то роль, должна прежде всего оперировать какой-либо конкретной моделью» [Жакоб 1992: 139].

к структурным, от описания статичной системы — к ее рассмотрению в процессе динамического функционирования, от комбинаторики — к структурам смысла и текста.

2. Геном как гипертекст

Процесс передачи информации обычно представляют как передачу знаков или сигналов. Однако это не совсем точно: коммуникация есть передача сообщений, то есть текстов, и только текст следует рассматривать как единицу коммуникации и как объект создания — передачи — сохранения — преобразования информации. Кроме того, передаваемые тексты могут и не состоять из знаков (например, кинематограф или живопись не используют готовые знаки из заданного алфавита). Уточнению подлежит и сравнение генетического кода со словарем. Так, Ф. Крик при изложении теории генетического кода пишет: «Генетический код — это небольшой словарь, который устанавливает связь между языком нуклеиновых кислот из четырех букв и языком белков из двадцати букв» [Crick 1981: 171]⁵. Однако адекватный перевод есть не сопоставление слов из словаря одного языка со словами из словаря другого, а соотнесение контекстов, в которых они встречаются. Соответственно, слово может быть переведено не как изолированная единица, а только в контексте. Так называемое бесконтекстное значение слова — это, как правило, его значение при употреблении в наиболее характерном контексте. «В абсолютной изоляции ни один знак не имеет какого-либо значения; любое знаковое значение возникает в контексте» [Ельмслев, 1960: 303—304]. Как будет показано ниже, учет контекста необходим и при генетическом переводе (трансляции): один и тот же набор нуклеотидов в зависимости от его расположения может соотноситься с различными аминокислотами.

В связи с этим создание новой семантики генома, не ограничивающей себя лишь процессами кодирования / декодирования — актуальная задача для генетики. О том, что семантические аспекты генетической организации — это лишь малая часть семантики генома, свидетельствует то, что до сих пор недостаточно ясны функции порядка 90—95% некодирующих последовательностей геномной ДНК (более популярно другое название — «мусорные ДНК», «junk DNA»), хотя и мнение об их «бесполезности» пересматривается. Между тем хотя бы часть тех нуклеотидных последовательностей, функции которых не связаны с кодированием или не совсем понятны (это так называемые «бессмысленные кодоны» или же, например, интроны), могут вполне естественно быть описаны как средства текстовой организации: они выступают либо как маркеры делимитации, обозначающие начало

⁵ Напомним: генетический код — это соотношение между четырьмя нуклеотидами (в ДНК это А — аденин; G — гуанин; C — цитозин; T — тимин; в РНК вместо тимина появляется урацил — U) и двадцатью аминокислотами. Происходящий при белковом синтезе процесс установления соответствия между нуклеотидами и аминокислотами первооткрыватель генетического кода Френсис Крик назвал «трансляцией» (что можно было перевести и как «перевод»): «Процесс синтеза белка с использованием фрагмента информационной РНК в качестве инструкций, который называется трансляцией, обязательно сложнее, так как инструкции написаны на языке РНК, состоящем из четырех букв, а их следует перевести с помощью химического механизма на язык из 20 букв (twenty-letter protein language)» [Crick 1981: 70].

Три нуклеотида (их последовательность может быть любой) составляют триплет, или кодон: их может быть 64. Из этих 64 кодонов 61 выполняют так называемую кодирующую функцию — они кодируют одну из 20 аминокислот, а три так называемых некодирующих «бессмысленных» или «стоп-кодона» (UAA, UAG и UGA) прекращают процесс трансляции, тем самым служат сигналом завершения текста. Есть и кодоны, которые инициируют процесс трансляции (в основном AUG, а также GUG и UUG), но они в зависимости от контекста, встречаясь в начальной позиции, в этом случае выполняют кодирующую функцию. Поскольку аминокислот значительно меньше, чем кодирующих их кодонов, то возникает ситуация, названная генетиками синонимией (или вырожденностью кода): 18 из 20 аминокислот кодируются различными кодонами (от двух до шести). Лишь две аминокислоты кодируются полностью отличными триплетами, и между кодоном и аминокислотой устанавливается взаимоднозначное соответствие; это триптофан (ACC) и метионин (TAC).

или конец сегмента («иницирующие кодоны», «стоп-кодоны»), либо как так называемые дискурсивные частицы («слова-паразиты»), которые исчезают из окончательного текста и т. п. В определенных контекстах «некодирующий» кодон может стать кодирующим: «Так, нонсенс UGA у самых разных объектов кодирует необычную аминокислоту — селено-цистеин, но только если этот кодон оказывается в определенной точке гена» [Инге-Вечтомов 1996: 9].

Помимо «классического» генетического кода, благодаря которому происходит перевод единиц «языка нуклеотидов на язык белков» (Ф. Крик), за последние 30 лет было выявлено еще 11 других «кодов»; все они были названы их открывателями «вторыми» [Trifonov 2008; 2011]. Такая «поликодовость» не только говорит о дополнительных принципах структурирования генетической информации, но также является серьезным аргументом в пользу текстуальной организации генетической информации. Как было продемонстрировано еще в 1980-х гг. Ю. М. Лотманом и М. Ю. Лотманом [Ю. Лотман 1981б; М. Лотман 1985], текст, в отличие от других единиц языка (слово, предложение), в семиотическом отношении принципиально гетерогенен, он является сообщением, которое многократно закодировано, причем посредством как минимум двух различных знаковых систем.

Но не следует, однако, думать, что, заменив слово «язык» или «код» термином «текст», мы сразу окажемся в состоянии решить существующие проблемы. В самой генетике понятие «текст», хотя и употреблялось начиная с первооткрывателя ДНК Ф. Мишера (см. выше), но без должного соотношения с лингвистикой или семиотикой текста, как аналогия с более известным. При этом генетики лишь в малой степени учитывали данные лингвистики. Для них язык состоит из букв — то есть того, что, строго говоря, вовсе не является языковой единицей, а есть лишь средство графической фиксации единиц языка на письме. К сожалению, не нашли своего логического завершения идеи, заложенные в перспективных системных исследованиях В. Ратнера и его группы в Новосибирске. Его пионерские идеи о процессах управления генетической информацией [Ратнер 1965] в дальнейшем закономерно приводят к поискам обнаружения механизмов ее лингвистического структурирования. В [Ратнер 1993а; 1993б; 2000] была предложена система уровней и даже фигурирует уровень текста, но исключительно как сложная композиция символов максимальной длины — она называется «книгой» [Ратнер 1993б]. Текст понимался не столько как языковая структура высшего уровня, сколько как некоторая графическая фиксация определенным образом организованных знаков (т. е. что-то вроде «книги» в ее типографском понимании). Именно такое понимание текста зафиксировано в весьма ценном исследовании, непосредственно посвященном описанию белковых молекул как генетических текстов: «Любая реальная генетическая макромолекула может быть представлена в виде последовательности конечной длины из элементов данного алфавита, которую можно назвать генетическим текстом» [Соловьев и др. 1988: 5]. Впрочем, следует отметить, что в самой лингвистике вплоть до 1960-х гг. было принято именно такое «графическое» понимание текста. Хотя уже в 1970-е гг. существовали достаточно разработанные структурно-функциональные модели текста (см. [Николаева 1977; 1978; Dijk 1972; de Beaugrande, Dressler 1981]), вплоть до настоящего времени текст, рассматриваемый как единица коммуникации, остается на периферии теоретической лингвистики.

Недостаточность вышеупомянутых подходов показывает, что необходимы более тонкие и, главное, методологически более продуманные методы, учитывающие, что текст — это не графическое или даже синтаксическое, а семантическое, структурное и функциональное единство. Это стимулирует пересмотр самой природы текстуальности гена: это не последовательность знаков алфавита, а механизм передачи генетических сообщений, обладающих смысловыми и функциональными характеристиками; ср. [Гаряев 2009]. Аналогия с текстами позволяет предположить, что и генетические тексты состоят не только из четырех исходных единиц, но и из намного большего числа: за счет сочетаемости первичных единиц конструируются словосочетания, предложения и, в конечном итоге, субтексты. Классический генетический код описывает лишь два первых уровня лингво-семиотической

организации генома. Уже сейчас ясно, что описание гена не следует сводить исключительно к последовательности нуклеотидов: при рассмотрении его организации прослеживается четкая иерархия формирования внутритекстовых структурных и функциональных единиц. На первом до-текстовом уровне элементарные единицы, нуклеотиды, формируют триплеты (кодона и антикодона), которым соответствуют единицы второго уровня — аминокислоты. Условно эти единицы генетического кода: нуклеотиды, триплеты и аминокислоты — можно идентифицировать, соответственно, с фонемами, морфемами и словами. Они составляют то, что можно соотнести с до-предложенческим уровнем языка: они не встречаются сами по себе и приобретают функциональную значимость только в составе более сложных структур. Так, на третьем уровне последовательность аминокислот складывается в мотивы — генетические информационные блоки. Организация мотивов внутри молекулы белка имеет несколько измерений, например, альфа-спирали и бета-структуры, что соответствует парадигматическому и синтагматическому измерению языкового текста (в музыковедческих терминах — это управляемая законами гармонии соотнесенность мотивов и аккордов; возможны также аналогии и с метрическими и ритмическими структурами поэтической речи). Четвертый уровень текстовой организации генома — уровень топологических поверхностей, на котором различные субтексты объединяются в целое. При таком подходе геном предстает как система текстов, или гипертекст — многомерный текст, состоящий из упорядоченного подмножества других текстов. Аналогия с контекстуальными и интертекстуальными связями позволяет понять и процессы функционирования и трансформации текстов: в природе текста как распадаться в зависимости от контекста на субтексты, так и формировать сверхтексты, в обоих случаях порождая новую информацию; ср.: «Текст есть момент равновесия между тенденцией функционального распада его на два или несколько текстов и полной унификации как внутренне однородного» [Ю. Лотман 1982: 4]. Модели эволюционной молекулярной биологии могут оказаться полигоном для подобных интерпретаций.

3. Геном как текст и текст как организм

Информационные процессы следует рассматривать динамически, в процессе их рождения и функционирования, как смысловое и функциональное единство, то есть как систему, способную к целеполаганию, адаптации и трансформации в зависимости от изменяемых условий (контекста), а также обладающую способностью сохранять информацию (памятью), перерабатывать ее (креативно-когнитивными характеристиками) и передавать (коммуникативной силой). Но в этом случае возникает вопрос о субъекте коммуникативной деятельности — кто есть отправитель и получатель генетических сообщений, кто есть «говорящий» на этом языке? Ф. Коллинз указал на Господа Бога как на создателя языка генома. Но если и согласиться с такой точкой зрения, это не снимает проблемы — кто и как пользуется этим языком?

В свое время Л. Витгенштейн считал, что каждый язык (языковая игра) есть особая форма жизни (*Lebensformen*), имея в виду функциональное разнообразие социальной коммуникативной деятельности (поведения). Эта мысль может быть перенесена и на биологические формы жизни в следующей редакции: каждая форма жизни есть язык. Таким образом, каждый язык есть форма жизни, и каждая форма жизни есть язык. Подобные идеи уже высказывались в семиотике. В первую очередь, следует вспомнить идею Ю. Лотмана о том, что в процессе функционирования текст приобретает черты живого организма, обладающего памятью и способностью продуцировать новые смыслы [Ю. Лотман 1981а; 1981б; 1984; Kull 1998]. Развивая эту идею, имеет смысл рассматривать языки и тексты, в том числе и генетические, как подобие биосистем с их такими давно известными свойствами, как выживаемость, адаптируемость к новой среде (языковой, социокультурной и т. п.), способность к самовоспроизведению, мутациям (трансформациям), селекции мутаций, контактам и порождению гибридов и т. д. Геном человека (генетический гипертекст) также

может быть описан посредством семантических и семиотических характеристик, присущих (квази-)интеллектуальным объектам, что позволит прийти к новым теоретическим и практическим результатам.

3.1. Белковый синтез как семиотический процесс

Сказанное можно продемонстрировать на примере такой операции, как «чтение»⁶, посредством которой принято описывать чрезвычайно сложный процесс белкового синтеза. «Чтение» («считывание») генетической информации — термин генетики, под которым понимают двухэтапный процесс (транскрипция — трансляция), когда клетка (точнее, ее рибосома, аппарат считывания информации и синтеза белка) на основе триплета (трех элементарных единиц, нуклеотидов) выбирает соответствующую аминокислоту. Происходит процесс декодирования триплетов (тройки нуклеотидов информационной РНК) и их перевод (трансляция) в соответствующие состоящие из аминокислот белковые последовательности (полипептиды).

Привычный способ описания трансляции как сложного биохимического процесса синтеза мешает увидеть его относительно простую и изящную контекстно зависимую семиотику. В силу определенных биохимических ограничений кодирующий нуклеотидный триплет из ДНК не может непосредственно быть перенесен в транспортную РНК, где и происходит выбор соответствующей аминокислоты. Это происходит только на конечном этапе многоступенчатого биохимического процесса, в течение которого удваиваются нуклеотидные цепи, они образуют двойные спирали и т. п. На каждом этапе триплет ДНК и/или кодон РНК⁷ заменяется на свой двойник-антипод по принципу комплементарности — каждый из составляющих триплет нуклеотидов заменяется на комплементарный ему (в ДНК это А — аденин, который заменяется на Т — тимин; С — цитозин, заменяется G — гуанином и наоборот; то же самое происходит и в РНК, с учетом того, что место тимина в ней занимает U — урацил). На следующем этапе в соответствии с этими же операциями, но производимыми в обратном порядке, антикодон заменяется на исходный кодон. В самой ДНК, в которой хранится генетическая информация, на основе первичной структуры (последовательность нуклеотидов в цепи ДНК) образуется вторичная структура (две полинуклеотидные разнонаправленные параллельные цепи, соединенные поперечными комплементарными связями между нуклеотидами), а затем третичная. Нуклеотидные цепи могут обособляться; таким образом, из одной молекулы ДНК образуются две: одна «материнская», другая «дочерняя», которые также могут породить новые. Молекула РНК, где на основе нуклеотидных последовательностей содержатся необходимые для белкового синтеза аминокислоты, состоит из трех различных РНК — матричной, информационной и транспортной⁸.

⁶ Этому термину-метафоре посвящено специальное исследование видного философа и историка науки Эвелин Фокс Келлер [Fox Keller 2002], которая склонна рассматривать эту метафору как результат, порождаемый «работой» языка. Это характеристика самого дискурса генетиков, когда требуется каким-либо образом описать «деятельность» клетки. Но она отмечает и обратную связь — метафоры чтения / письма играют не только объяснительную или же иллюстративную функцию, они оказывают воздействие на способ мышления генетиков, благодаря чему они воспринимают себя как «читатели» или же «переписчики» (rewriters) генетической информации.

⁷ В генетике тройку нуклеотидов, если она находится в ДНК, называют триплетами, а расположенную в РНК — кодонами (в информационной РНК) и антикодонами (в транспортной РНК). Однако для наших целей такое разграничение несущественно: было бы удобнее оперировать одним термином (тройка или триплет) с указанием его позиции (цепи).

⁸ Уместно вновь напомнить мысль Шредингера о том, что генетические структуры выступают и как «архитектор» (программа), и как «строитель» (ее манифестация). Если соотнести это с дихотомией «язык / речь», то можно конкретизировать: ДНК выступает как язык (программа), РНК — как речь (реализация этой программы). Эта аналогия станет еще глубже, если учесть, что, согласно

Однако если этот крайне сложный процесс белкового синтеза описывать как актуализацию знака в тексте, то он оказывается весьма прост: исходный знак (триплет нетранскрибируемой ДНК, материально совпадающий с кодоном) реализуется в паре «кодон — антикодон». Кодон и антикодон раздельно не встречаются, они, располагаясь на различных цепях, всякий раз соединяются комплементарными связями и образуют ту же пару. Кодон и антикодон выступают как варианты друг друга, изменяемые в зависимости от того, на какой цепи они расположены. Меняется означающее — каждый из составляющих кодон нуклеотидов заменяется в кодоне на комплементарный ему, меняется направление и, соответственно, позиция (начало одной цепи соответствует концу другой), — но сохраняется означаемое (это соотносительность с одной и той же аминокислотой).

Представленная в такой форме ситуация хорошо известна в лингвистике: абстрактный элемент языковой системы — фонема или морфема — по-разному, в зависимости от позиции, актуализируются в речи, сохраняя смысловую и функциональную идентичность. Различающиеся реализации (варианты, манифестации) означающего одного и того же элемента (позиционные варианты) не могут встречаться в одной и той же позиции (например, звуки [и] и [ы] в русском языке: первый встречается только в начале слова или после мягкой согласной, второй — только после твердой). Применительно к нуклеотидам, поскольку речь идет не об отдельном элементе, а об их последовательности, удобнее провести аналогию с алломорфами — это тождественные по значению морфологические единицы, различие между которыми объясняется только их позицией и которые находятся в отношении дополнительной дистрибуции (например, приставки *раз-/рас-*, или же супплетивная пара *я — меня*).

Рассмотрим, как кодируется такая аминокислота, как метионин. Мы выбрали его в качестве примера потому, что он, как и триптофан, кодируется только одним кодоном-триплетом — AUG (аденин, урацил, гуанин), чем отличается от остальных 18 аминокислот, которые могут кодироваться посредством различных триплетов-синонимов. Это делает более наглядным то, как проявляется позиционная зависимость элементов генетического кода: одна и та же аминокислота, метионин, в различных позициях (различных цепях) кодируется в биохимическом отношении различными триплетами⁹:

ATG (нетранскрибируемая цепь ДНК) — TAC (транскрибируемая цепь ДНК) — AUG (кодон информационной РНК) — UAC (антикодон транспортной РНК).

При этом существенно, что означающие изменяются не произвольно, а в строгом соответствии с принципом комплементарности и зеркальной симметрии (третий элемент кодона заменяется на первый элемент антикодона и т. д.). Происходит материальное (биохимическое) и пространственное изменение означающих при сохранении идентичности знака.

Заметим, что для канонической нотации метионина, как и других триплетов, используют ту конфигурацию, которая представлена в информационной РНК, записывая его как AUG. Но если учитывать, что изменения означающего определяются правилами преобразования кодона в антикодон, то оказывается несущественным, какую последовательность

новейшим представлениям, ДНК сформировалась в процессе эволюции из РНК. Как и в случае языка и речи, РНК эволюционно предшествует ДНК, равно как и речь предшествует языку. Ситуация с ДНК/РНК отличается от лингвистической дихотомии тем, что в процессе эволюции единицы генетического языка (программы) оказываются определенным образом и даже дважды зафиксированными в ДНК, тогда как единицы языка принято рассматривать как абстрактные сущности, которые не могут быть материализованы иначе, чем в речи. Но можно предложить и другое видение: если рассматривать корпус текстов как аналог текстов РНК, то в результате деятельности лингвистов в ходе истории языка возникает и корпус — метаописание этого корпуса (грамматики, учебники, компьютерные программы и т. д.), своеобразный аналог текстов ДНК.

⁹ Чтобы не усложнять описание несущественными в данном случае деталями, мы не отмечаем зеркальную симметрию между этими триплетами, обусловленную тем, что они расположены на разнонаправленных цепях.

нуклеотидов и на какой цепи принять за исходную единицу. Важно, чтобы каждый из триплетов был локализован в определенной цепи (так, метионин на транспортной РНК предстает как антикодон UAC, но эта же последовательность нуклеотидов UAC, расположенная на информационной РНК, кодирует другую аминокислоту — тирозин).

Аналогичные трансформации, осложненные синонимией, наблюдаются и в случае кодирования других аминокислот (см. помещенную в Приложение таблицу соответствий между аминокислотами и кодирующими их тройками нуклеотидов, кодонами и антикодонами). В целом это ритмическое повторение комплементарных разнонаправленных триплетов можно рассматривать как реализацию одного и того же знака, означаемым которого будет некоторая аминокислота (в данном случае — метионин), а означающим — парный триплет (кодон и антикодон), который в зависимости от его позиции реализуется или как кодон, или как антикодон. В лингвистических терминах это может быть представлено как результат одновременного применения двух типов трансформаций:

- 1) перестановки, пермутации, когда тройка элементов заменяется на зеркально симметричную ей: $[XYZ] \rightarrow [ZYX]$;
- 2) замены, субституции, когда каждый из трех нуклеотидов заменяется на комплементарный ему; в ДНК это $A \leftrightarrow T, C \leftrightarrow G$, в РНК: $A \leftrightarrow U, C \leftrightarrow G$.

Применительно к нашему примеру, если цепочку нуклеотидов заменить на имя *метионин*, то тогда весь процесс передачи генетической информации предстанет как повтор одного и того же знака:

Метионин (как он кодируется на нетранскрибируемой цепи ДНК) — *Метионин* (как он кодируется на транскрибируемой цепи ДНК) — *Метионин* (как он кодируется на иРНК) — *Метионин* (как он кодируется на тРНК).

Такая форма нотации перестает отражать биохимический состав триплета, но зато эксплицирует идентичность его функции. Заметим, что возможны три формы метаязыковой записи: а) исходя из означающего — химического состава нуклеотидного триплета независимо от контекста или, что то же самое, — только в одном определенном контексте; б) исходя из результата — учитывая химический состав лишь того варианта, который соотносится с аминокислотой в классическом генетическом коде, и, наконец, в) исходя из смысла означаемого. Если первый может быть удобнее для описания экспериментальных данных, то при моделировании информационных процессов наиболее адекватной представляется комбинация второго и третьего.

Такая форма представления делает явным то, что при синтезе белков определяющим фактором оказывается не биохимический состав триплета, а кодирующая функция, отношение между тройкой нуклеотидов, их позицией и аминокислотой. Иными словами, быть кодоном (или антикодоном) — это определяемая позицией некоторая функция, а не собственно биохимическая субстанция. Оказывается существенным не только биохимический состав, но и позиционный контекст (на какой из цепей триплет расположен). Действует закономерность, в свое время несколько удивившая первооткрывателей генетического кода и отмеченная в их пионерской статье: «Кодирование зависит не от структуры переносимой кислоты, а от свойств РНК переносчика», почему и может существовать, например, такая ситуация, когда «цистеин превращается в аланин. Тем не менее РНК-переносчик направлял его в то место цепи молекулы белка, где должен находиться цистеин» [Крик, Ниренберг 1964: 156].

3.2. Способна ли рибосома читать?

Описанный как цикл семиотических операций происходящий при белковом синтезе процесс кодирования / декодирования предполагает признание за рибосомой (органом клетки, осуществляющий биосинтез белка) не только такой квазиинтеллектуальной способности, как распознавание отдельных знаков, но и более сложной — чтения как понимания.

Это требует, помимо расхожего представления о рибосоме как об очень сложной и быстро работающей биомашине, признать за ней интеллектуальную способность оперировать абстрактными единицами.

Если отойти от рассмотрения биохимического субстрата процесса белкового синтеза и сосредоточиться на его семиотических характеристиках, можно увидеть удивительное сходство между тем, как читает (обрабатывает) текст человек и как читает генетическую информацию клетка. Чтение есть комплексный когнитивный процесс взаимодействия текста и читателя, который предполагает следующие способности: 1) распознавание букв; 2) объединение их в слоги, далее слова и предложения; 3) приписывание полученным последовательностям смысла и, наконец, 4) понимание целостного текста. Все эти способности и операции основаны на выявлении и использовании семиотической связи между означаемым и означающим.

«Чтение» рибосомой нуклеотидных последовательностей и выбор соответствующей аминокислоты явно выходит за пределы тривиального распознавания знаков и безальтернативного декодирования. Рибосома способна соотносить биохимически совершенно различные тройки нуклеотидов (означающие) с одной и той же аминокислотой (одним и тем же означаемым), и в то же время она в состоянии соотнести омонимичные означающие с различными означаемыми. Как было показано ранее, находящиеся в различных цепях различные комплементарные тройки нуклеотидов (кодон и антикодон) кодируют одну и ту же аминокислоту, но если эти тройки расположены на одной и той же цепи, то им будут соответствовать иные аминокислоты. Подобная характеристика генетической трансляции показывает, что в данном случае имеет место основополагающее для любой знаковой системы разграничение между абстрактными элементами языка и их конкретной манифестацией в единицах речи (*type — token*). Так, клетка способна идентифицировать биохимические последовательности исходя из их функции в системе; ее способность читать не ограничивается распознаванием букв, но предполагает, по крайней мере, понимание слов и умение оперировать абстрактными сущностями (выделять инвариант при трансформациях). Это предполагает, что в определенном смысле клетка обладает (квази)интеллектом.

Заключение

Вернемся к поставленному в разделе 3 вопросу о том, что динамическое понимание коммуникации предполагает некоторого носителя языка. Описанное выше дает основания считать, что в данном случае рибосома вполне может сыграть читателя. Даже если и не наделять ее квазиинтеллектом, то совершаемые ею действия полностью укладываются в то, что принято буквально понимать под процессом чтения. Это позволяет заключить, что высказанные в свое время Ю. М. Лотманом предположения о возможности описывать текст как организм и организм как текст — это не только «хорошо придуманные» (из жанра «*se non e vero, e ben travato*»), но и фактически подтверждаемые идеи, имеющие далекие, хоть и не вполне ясные для нас в настоящее время перспективы. Приведенные вначале экспериментальные данные о возможности управления генетическими процессами посредством мыслительной деятельности, возможно, позволят раскрыть способности клетки быть также и собеседником в диалоге.

Будучи описаны как семиотические объекты, как тексты, ген и геном, которые сами по себе уже являются биосистемами, могут оказаться не только областью приложения, но и моделью для общей теории текста. В таком случае лингвистическое описание генетической информации уже перестанет быть исключительно «донорской» экстраполяцией для генетики, не имеющей какого-либо значения для самой лингвистики. Описание самого «естественного» из языков может быть осознано как проблема самой лингвистики. В таком случае наряду с уже ставшим обычным появлением все новых «лингвистик» и «семиотик», слабо связанных с самой лингвистикой, можно ожидать формирования нового направления внутри самой лингвистики, при котором будет расширено само понимание «естественного»

языка и форм его функционирования (коммуникации). Однако для достижения подобных результатов необходимы и новые методы описания. Так, нам представляются неудовлетворительными попытки описать генетическую информацию посредством линейных контекстно-свободных лингвистических моделей (подобно широко используемым в биоинформатике порождающим грамматикам). Более адекватной может оказаться новая версия лингвистики, которая развивала бы идеи, имеющие почти полувековую историю: программные декларации Э. Бенвениста об ориентированной на исследование текстов «семиотике второго поколения», которую он называл также лингвистикой речи (противопоставляя «лингвистике знака»), метасемантикой и транслингвистикой [Бенвенист 1974: 88—89].

Однако, несмотря на достигнутые в лингвистике и поэтике результаты, эти идеи все еще не воплотились в лингвистическую теорию, которая бы исходила из приоритета не знака, а текста или речи. Так, о необходимости подобной теории, названной «лингвистикой речи», недавно было заявлено в [Николаева 2015]. Речь в данном случае понимается как «вовсе не индивидуальный речевой поток и не индивидуальная речевая деятельность, а общая для всего говорящего национального социума многоуровневая, многомерная и многофункциональная система, еще очень и очень недостаточно изученная». Соответственно, лингвистика речи будет включать в качестве объекта «даже текст во всей его сложности и связности, подлинный и потаенный (или не-потаенный) смыслы которого стали изучать только в последние десятилетия» [Николаева 2015: 15—16]. Как было нами показано в иной связи, возможна такая лингвистическая теория, которая в качестве своей основной прототипической единицы будет иметь не слово (и даже не предложение), а текст, причем, возможно, не предполагающий наличия некоего исходного набора знаков, а знак будет выступать как контекстно-зависимая переменная. При этом, следуя принципу динамической семантики, можно исходить из того, что семантика единиц не только зависит от контекста, но, в свою очередь, сама видоизменяет контекст [Золян 2013; 2014; 2015]. Учитывая разнородность семиотических и генетических систем, исследование способов организации генетической информации будет стимулировать появление новых методов и в теории языка и текста, тем самым развивая собственно лингвистику, а не только смежные с ней экзотические ответвления, подобные «протеиновой лингвистике». Именно текст есть объект создания — передачи — сохранения — преобразования информации, поэтому насущной задачей представляется построение такой ориентированной на коммуникацию общей теории текста и текстоцентричной лингвистики, благодаря которым можно было бы описывать как тексты нелинейной структуры в целом, так и тексты, несущие генетическую информацию, в частности. Текст может быть рассмотрен как квазиорганизм, обладающий памятью, креативно-когнитивными характеристиками и коммуникативным потенциалом, а клетка (ее рибосома) — как обладающая квазиинтеллектом и способностью оперировать абстрактными семиотическими последовательностями. При таком подходе генетический гипертекст (геном) становится системой и структурой, изоморфной искусственному и коллективному интеллекту, что создаст основу для решения столь важной задачи, как соотнесение биологической и социальной геномики и перехода от молекулярных структур к семантико-информационным (память, программа поведения, врожденные лингвистические структуры). Это может быть понято как возможность научного описания такого аспекта, на который указывал Р. Якобсон, обобщая свои наблюдения над уникальным и ни в каких иных коммуникативных (семиотических) системах не встречающемся «изоморфизмом» между генетическим кодом и языком:

Генетический код, первичное проявление жизни, и язык как всеобщее достояние человечества, обеспечившее его исключительный скачок от генетики к цивилизации, — это два фундаментальных хранилища передаваемой от предков к потомкам информации. Молекулярная наследственность (heredity) и вербальное наследие (legacy) — необходимое предусловие культурной традиции [Jakobson 1970: 440]¹⁰.

¹⁰ Считаю приятным долгом выразить благодарность Р. И. Жданову (Институт перспективных гуманитарных исследований и технологий МГГУ им. М. А. Шолохова), который привлек наше

ПРИЛОЖЕНИЕ

Таблица соответствий между аминокислотами, триплетами ДНК и кодоны и антикодонами РНК

(Источник: <http://waynesword.palomar.edu/codons.htm>)

АМИНОКИСЛОТА	ТРИПЛЕТ ДНК	КОДОН информационной РНК	АНТИКОДОН транспортной РНК
АЛАНИН (alanine)	CGA, CGG, CGT, CGC	GCU, GCC, GCA, GCG	CGA, CGG, CGU, CGC
АРГИНИН (arginine)	GCA, GCG, GCT, GCC, TCT, TCC	CGU, CGC, CGA, CGG,AGA, AGG	GCA, GCG, GCU, GCC UCU, UCC
АСПАРАГИН (asparagine)	TTA, TTG	AAU, AAC	UUA, UUG
АСПАРАГИНОВАЯ КИСЛОТА (aspartate)	CTA, CTG	GAU, GAC	CUA, CUG
ЦИСТЕИН (cysteine)	ACA, ACG	UGU, UGC	ACA, ACG
ГЛЮТАМИНОВАЯ КИСЛОТА (glutamate)	CTT, CTC	GAA, GAG	CUU, CUC
ГЛЮТАМИН (glutamine)	GTT, GTC	CAA, CAG	GUU, GUC
ГЛИЦИН (glycine)	CCA, CCG, CCT, CCC	GGU, GGC, GGA, GGG	CCA, CCG, CCU, CCC
ГИСТИДИН (histidine)	GTA, GTG	CAU, CAC	GUA, GUG
ИЗОЛЕЙЦИН (isoleucine)	TAA, TAG, TAT	AUU, AUC, AUA	UAA, UAG, UAU
ЛЕЙЦИН (leucine)	AAT, AAC, GAA, GAG GAT, GAC	UUA, UUG, CUU, CUC CUA, CUG	AAU, AAC, GAA, GAG GAU, GAC
ЛИЗИН (lysine)	TTT, TTC	AAA, AAG	UUU, UUC
МЕТИОНИН (methionine)	TAC	AUG	UAC
ФЕНИЛАЛАНИН (phenylalanine)	AAA, AAG	UUU, UUC	AAA, AAG
ПРОЛИН (proline)	GGA, GGG, GGT, GGC	CCU, CCC, CCA, CCG	GGA, GGG, GGU, GGC
СЕРИН (serine)	AGA, AGG, AGT, AGC TCA, TCG	UCU, UCC, UCA, UCG AGU, AGC	AGA, AGG, AGU, AGC UCA, UCG
СТОП-КОДОН (stop)	ATG, ATT, ACT	UAA, UAG, UGA	AUG, AUU, ACU
ТРЕОНИН (threonine)	TGA, TGG, TGT, TGC	ACU, ACC, ACA, ACG	UGA, UGG, UGU, UGC
ТРИПТОФАН (tryptophan)	ACC	UGG	ACC
ТИРОЗИН (tyrosine)	ATA, ATG	UAU, UAC	AUA, AUG
ВАЛИН (valine)	CAA, CAG, CAT, CAC	GUU, GUC, GUA, GUG	CAA, CAG, CAU, CAC

внимание к проблеме и чьими консультациями в области биохимии мы имели возможность пользоваться во время нашей работы в институте.

Многими идеями автор обязан Татьяне Михайловне Николаевой, которая с самого начала заинтересовалась возможностью описания генома методами лингвистики текста. К глубокому прискорбию, Татьяны Михайловны уже нет. Наш долг — помнить не только о громадном вкладе, сделанном этим выдающимся человеком и филологом; но и о том, сколько ее блестящих идей так и осталось незавершенными. Будучи в преклонном возрасте, она ушла и в расцвете сил.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ / REFERENCES

- Бенвенист 1974 — Бенвенист Э. Общая лингвистика. М.: Прогресс, 1974. [Benveniste E. *Obshchaya lingvistika* [General linguistics]. Moscow: Progress, 1974].
- Гамкрелидзе 1988 — Гамкрелидзе Т. В. Р. О. Якобсон и проблема изоморфизма между генетическим кодом и семиотическими системами // Вопросы языкознания. 1988. № 3. С. 5—9. [Gamkrelidze T. V. R. O. Jakobson and the problem of isomorphism between the genetic code and semiotic systems. *Voprosy Jazykoznanija*. 1988. No. 3. Pp. 5—9.]
- Гаряев 2009 — Гаряев П. П. Лингвистико-волновой геном. Киев: Ин-т квантовой генетики, 2009. [Garyaev P. P. *Lingvistiko-volnovoi genom* [Linguistic wave genome]. Kiev: The Institute of quantum genetics, 2009.]
- Гельфанд 1990 — Гельфанд М. С. Коды генетического языка и естественный язык // Вопросы языкознания. 1990. № 6. С. 60—70. [Gelfand M. S. Codes of genetic language and natural language. *Voprosy jazykoznanija*. 1990. No. 6. Pp. 60—70.]
- Ельмслев 1960 — Ельмслев Л. Прологомены к теории языка // Новое в лингвистике. Вып. 1. М.: Прогресс, 1960. С. 264—389. [Hjelmslev L. Prolegomena to the theory of language. *Novoe v lingvistike*. No. 1. Moscow: Progress, 1960. Pp. 264—389.]
- Жакоб 1992 — Жакоб Ф. Лингвистическая модель в биологии // Вопросы языкознания. 1992. № 2. С. 135—141. [Jakob F. The linguistic model in biology. *Voprosy jazykoznanija*. 1992. No. 2. Pp. 135—141.]
- Золян 2013 — Золян С. Т. «Бесконечный лабиринт сцеплений»: семантика текста как многомерная структура // Критика и семиотика. 2013. № 1 (18). С. 18—44. [Zolyan S. T. «The endless labyrinth of connections»: Text semantics as a multidimensional structure. *Kritika i semiotika*. 2013. No. 1 (18). Pp. 18—44.]
- Золян 2014 — Золян С. Т. О референциальной и когнитивной семантике текста // Иностранные языки в высшей школе. 2014. № 3 (30). С. 5—19. [Zolyan S. T. On referential and cognitive semantics of the text. *Inostrannye yazyki v vysshei shkole*. 2014. No. 3 (30). Pp. 5—19.]
- Золян 2015 — Золян С. Т. О словоцентричных и текстоцентричных лингвистических описаниях // Язык. Общество. История науки. К 70-летию В. М. Алпатова. Тезисы докл. Межд. конф. М.: Ин-т востоковедения РАН, 2015. С. 46—48. [Zolyan S. T. On word-centered and text-centered linguistic descriptions. *Yazyk. Obshchestvo. Istoriya nauki. K 70-letiyu V. M. Alpatova. Tезисы dokladov Mezhdunarodnoi konferentsii*. Moscow: Institute of Oriental Studies, Russian Academy of Sciences, 2015. Pp. 46—48.]
- Иванов 2010 — Иванов Вяч. Вс. «Границы семиотики»: вопросы к предварительному обсуждению // Современная семиотика и гуманитарные науки. М.: Языки славянских культур, 2010. С. 31—50. [Ivanov V. V. «The frontiers of semiotics»: Questions for a preliminary discussion. *Sovremennaya semiotika i gumanitarnye nauki*. Moscow: Yazyki Slavyanskikh Kul'tur, 2010. Pp. 31—50.]
- Инге-Вечтомов 1996 — Инге-Вечтомов С. Г. Трансляция как способ существования, или в чем смысл «бессмысленных» кодонов // Соросовский образовательный журнал. Биология. 1996. № 12. С. 2—10. [Inge-Vechtomo S. G. Translation as a mode of existence, or What's the use of «senseless» triplets. *Sorosovskiy obrazovatel'nyi zhurnal. Biologiya*. 1996. No. 12. Pp. 2—10.]
- Крик, Ниренберг 1964 — Крик Ф., Ниренберг М. Генетический код // Успехи физических наук. 1964. Т. LXXXII. Вып. 1. С. 133—160. [Crick F. H., Nierenberg M. W. The genetic code. *Uspekhi fizicheskikh nauk*. 1964. Vol. LXXXII. No. 1. Pp. 133—160.]
- Лотман М. 1985 — Лотман М. Ю. Двойственная природа текста (связный текст как семиотическое и коммуникативное образование) // Текст и культура: общие и частные проблемы. М.: Ин-т языкознания АН СССР, 1985. С. 3—20. [Lotman M. Yu. The dualistic nature of the text (discourse as a semiotic and communicative entity). *Tekst i kul'tura: obshchie i chastnye problemy*. Moscow: Institute of Linguistics, Academy of Sciences of the USSR, 1985. Pp. 3—20.]
- Лотман Ю. 1981a — Лотман Ю. М. Мозг — текст — культура — искусственный интеллект // Семиотика и информатика. Вып. 17. М: ВИНТИ, 1981. С. 13—17. [Lotman Yu. M. Brain — text — culture — artificial intelligence. *Semiotika i informatika*. No. 17. Moscow: All-Union Institute of Scientific and Technical Information, 1981. Pp. 13—17.]
- Лотман Ю. 1981b — Лотман Ю. М. Семиотика культуры и понятие текста // Учен. зап. Тартуского гос. ун-та. 1981. Вып. 515. С. 8—28. [Lotman Yu. M. Semiotics of culture and the concept of the text. *Uchenye zapiski Tartuskogo gosudarstvennogo uiversiteta*. 1981. No. 515. Pp. 8—28.]
- Лотман Ю. 1982 — Лотман Ю. М. От редакции: (О семиотическом подходе к проблеме межтекстовых отношений) // Учен. зап. Тартуского гос. ун-та. Вып. 576. (Труды по знаковым системам.

- Т. 15.) С. 3—9. [Lotman Yu. M. Editorial note: (On a semiotic approach to the problem of intertextual relations). *Uchenye zapiski Tartuskogo gosudarstvennogo uiversiteta*. No. 576. (*Trudy po znakovym sistemam*. Vol. 15.). Pp. 3—9.]
- Лотман Ю. 1984 — Лотман Ю. М. О семиосфере // Учен. зап. Тартуского гос. ун-та. 1984. Вып. 641. (*Труды по знаковым системам*. [Т.] 17.) С. 5—23. [Lotman Yu. M. On semiosphere. *Uchenye zapiski Tartuskogo gosudarstvennogo uiversiteta*. 1984. No. 641. (*Trudy po znakovym sistemam*. [Vol.] 17.) Pp. 5—23.]
- Николаева 1977 — Николаева Т. М. Лингвистика текста и проблемы общей лингвистики // Известия Академии наук СССР. Серия литературы и языка. 1977. Т. 36. № 4. С. 304—313. [Nikolaeva T. M. Text linguistics and the problems of general linguistics. *Izvestiya Akademii nauk SSSR. Seriya literatury i yazyka*. 1977. Vol. 36. No. 4. Pp. 304—313.]
- Николаева 1978 — Николаева Т. М. Лингвистика текста: Современное состояние и перспективы // Новое в зарубежной лингвистике. Вып. 8. М.: Прогресс, 1978. С. 5—42. [Nikolaeva T. M. Text linguistics: Current status and prospects. *Novoe v zarubezhnoi lingvistike*. No. 8. Moscow: Progress, 1978. Pp. 5—42.]
- Николаева 2015 — Николаева Т. М. О «лингвистике речи» (в частности, о междометии) // Вопросы языкознания. 2015. № 4. С. 7—20. [Nikolaeva T. M. On the «linguistics of speech». *Voprosy jazykoznanija*. 2015. No. 4. Pp. 7—20.]
- Ратнер 1965 — Ратнер В. А. Генетические управляющие системы. Автореф. дис. ... канд. биол. наук. АН СССР, Сибирское отделение, Объединенный совет по биологическим наукам. Новосибирск, 1965. [Ratner V. A. *Geneticheskie upravlyayushchie sistemy*. Avtoref. kand. diss. [Genetic control systems. Author's abstract of the cand. diss.] Academy of Sciences of the USSR, Siberian Branch, Joint Council for Biological Sciences. Novosibirsk, 1965.]
- Ратнер 1993а — Ратнер В. А. Генетический язык: грамматика, предложения, эволюция // Генетика. 1993. № 29. С. 709—719. [Ratner V. A. Genetic language: Grammar, sentences, evolution. *Genetika*. 1993. No. 29. Pp. 709—719.]
- Ратнер 1993б — Ратнер В. А. Сравнительная иерархическая структура генетического языка. // Генетика. 1993. № 29. С. 720—739. [Ratner V. A. The comparative hierarchic structure of the genetic language. *Genetika*. 1993. No. 29. Pp. 720—739.]
- Ратнер 2000 — Ратнер В. А. Генетический код как система // Соросовский образовательный журнал. Биология. 2000. Т. 6. № 3. С. 17—22. [Ratner V. A. Genetic code as a system. *Sorosovskii obrazovatel'nyi zhurnal. Biologiya*. 2000. Vol 6. No. 3. Pp. 17—22.]
- Седов 2000 — Седов А. Е. Метафоры в генетике // Вестник Российской академии наук. 2000. Т. 70. № 6. С. 526—534. [Sedov A. E. Metaphors in genetics. *Vestnik Rossiiskoi akademii nauk*. 2000. Vol. 70. No. 6. Pp. 526—534.]
- Седов 2001 — Седов А. Е. Иерархические концепции и междисциплинарные связи генетики, запечатленные в ее метафорах: количественный и структурный анализ терминов и высказываний // Наукоедение. 2001. № 1. С. 135—154. [Sedov A. E. Hierarchic conceptions and cross-disciplinary connections of genetics embedded in its metaphors: Quantitative and structural analysis of terms and utterances. *Naukovedenie*. 2001. No. 1. Pp. 135—154.]
- Соловьев и др. 1988 — Соловьев В. В., Кель А. Э., Рогозин И. Б., Колчанов Н. А. Использование ЭВМ в молекулярной биологии. Введение в теорию генетических текстов. Новосибирск: Новосибирский ун-т, 1988. [Solov'ev V. V., Kel' A. E., Rogozin I. B., Kolchanov N. A. *Ispol'zovanie EVM v molekulyarnoi biologii. Vvedenie v teoriyu geneticheskikh tekstov* [The use of computers in molecular biology. Introduction to the theory of genetic texts]. Novosibirsk: Novosibirsk Univ., 1988.]
- Степанов 1971 — Степанов Ю. С. Семиотика. М.: Наука, 1971. [Stepanov Yu. S. *Semiotika* [Semiotics]. Moscow: Nauka, 1971.]
- Шредингер 2002 — Шредингер Э. Что такое жизнь? Физический аспект живой клетки. М.; Ижевск: НИЦ «Регулярная и хаотическая динамика», 2002. [Schrödinger E. *Chto takoe zhizn'? Fizicheskii aspekt zhivoi kletki* [What is life? Physical aspect of the living cell]. Moscow; Izhevsk: Scientific Research Center «Regular and chaotic dynamics», 2002.]
- Чебанов 2004 — Чебанов С. Российская биосемиотика как школа: проблема институализации. Научные чтения - 2003. Материалы конф. СПб.: Филологический ф-т СПбГУ, 2004. С. 164—171. [Chebanov S. Russian biosemiotics as a school: The problem of institutionalization. *Nauchnye chteniya - 2003. Materialy konferentsii*. St. Petersburg: Philological Department of St. Petersburg State Univ., 2004. Pp. 164—171.]
- Якобсон 1985 — Якобсон Р. Лингвистика в ее отношении к другим наукам // Якобсон Р. Избранные работы. М.: Прогресс, 1985. С. 387—404. [Jakobson R. Linguistics in its relation to other sciences. Jakobson R. *Izbrannye raboty*. Moscow: Progress, 1985. Pp. 387—404.]

- Augustyn 2013 — Augustyn P. What connects Biolinguistics and Biosemiotics? *Biolinguistics*. 2013. Vol. 7. Pp. 96—111.
- Barbieri 2007a — Barbieri M. (ed.). *Introduction to Biosemiotics. The new biological synthesis*. Dordrecht: Springer, 2007.
- Barbieri 2007b — Barbieri M. Is the cell a semiotic system? *Introduction to Biosemiotics. The new biological synthesis*. Barbieri M. (ed.). Dordrecht: Springer, 2007. Pp. 179—208.
- Barbieri 2008a — Barbieri M. What is Biosemiotics? *Biosemiotics*. 2008. Vol. 1. Pp. 1—3.
- Barbieri 2008b — Barbieri M. Biosemiotics: A new understanding of life. *Naturwissenschaften*. Dordrecht: Springer, 2008. Pp. 577—599.
- de Beaugrande, Dressler 1981 — de Beaugrande R. A., Dressler W. U. *Introduction to text linguistics*. London: Longman, 1981.
- Bickerton 2014 — Bickerton D. Some problems for Biolinguistics. *Biolinguistics*. 2014. Vol. 8. Pp. 73—96.
- Collins 2006 — Collins F.S. *The language of God*. New York: Free Press, 2006.
- Collins 2009 — Collins F.S. *The language of life: DNA and the revolution in personalized medicine*. New York: Harper-Collins, 2009.
- Crick 1966 — Crick F. The genetic code — yesterday, today and tomorrow. *Cold spring symposium on quantitative Biology*. 1966. Vol. 31. Pp. 3—9.
- Crick 1981 — Crick F. *Life Itself: Its origin and nature*. London: Simon and Schuster, 1981.
- Dijk 1972 — Dijk T. van. *Some aspects of text grammars. A study in theoretical poetics and linguistics*. The Hague: Mouton, 1972.
- Emmeche, Hoffmeyer 1991 — Emmeche C, Hoffmeyer J. From language to nature — the semiotic metaphor in biology. *Semiotica*. 1991. Vol. 84 (1/2). Pp. 1—42.
- Elumalai, Eswaraiah 2013 — Elumalai, Eswaraiah M. Review on application of bioinformatics. *Journal of Science. Bioinformatics*. 2013. Vol. 3 (1). Pp. 21—27.
- Folcher M. et al. 2014 — Folcher M. et al. Mind-controlled transgene expression by a wireless-powered optogenetic designer cell implant. *Nature communication*. 2014. Vol. 5. No. 5392.
- Favareau 2007 — Favareau D. The evolutionary history of biosemiotics. *Introduction to Biosemiotics. The new biological synthesis*. Barbieri M. (ed.). Dordrecht: Springer, 2007. Pp. 1—69.
- Fox Keller 2002 — Fox Keller E. Language in action. Genes and metaphor of reading. *Experimenting in tongues: Studies in science and language*. Dorries M. (ed.). Stanford Univ. Press, 2002. Pp. 75—88.
- Galik 2013 — Galik D. Biosemiotics: A new science of biology? *Filozofia*. 2013. Vol. 68. No. 10. Pp. 859—867.
- Gamkrelidze 2009 — Gamkrelidze T. «Paradigms» in linguistics and the problem of the isomorphism between the genetic code & semiotic systems. *Bulletin of the Georgian National Academy of Sciences*. 2009. Vol. 3 (2). Pp. 194—197.
- Gimona 2006 — Gimona M. Protein linguistics — a grammar for modular protein assembly? *Nature Reviews Molecular Cell Biology*. 2006. Vol. 7. Pp. 68—73.
- Gimona 2008 — Gimona M. Protein linguistics and the modular code of the cytoskeleton. *Codes of Life. The Rules of Macroevolution*. Barbieri M., Hoffmeyer J. (eds.). Biosemiotics. 2008. Vol. 1. Pp. 189—206.
- Hogeweg 2011 — Hogeweg P. The roots of Bioinformatics in theoretical Biology. *PLoS Computational Biology*. 2011. Vol. 7 (3).
- Jacob 1977 — Jacob F. The linguistic model in biology. *Roman Jakobson, echoes of his scholarship*. Armstrong D., van Schooneveld C. H. (eds). 1977. Lisse: Peter de Ridder. Pp. 186—192.
- Jakobson 1970 — Jakobson R. Linguistics. Relationship between the science of language and other sciences. *Main trends of research in the social and human sciences*. The Hague: Mouton, 1970. Pp. 419—453.
- Ji 1997 — Ji S. Isomorphism between cell and human languages: molecular biological, bioinformatic and linguistic implications. *Biosystems*. 1997. Vol. 44 (1). Pp. 17—39.
- Ji 1999 — Ji S. The linguistics of DNA: Words, sentences, grammar, phonetics, and semantics. *Molecular strategies in biological evolution. Annals of the New York Academy of science*. 1999. Vol. 870. Pp. 411—417.
- Kull 1998 — Kull K. Organism as a self-reading text: anticipation and semiosis. *International Journal of Computing Anticipatory Systems*. 1998. Vol. 1. Pp. 93—104.
- Kull 2002 — Kull K. A sign is not alive — a text is. *Sign Systems Studies*. 2002. Vol. 30 (1). Pp. 327—336.
- Kull 2003 — Kull K. Thomas A. Sebeok and biology: Building biosemiotics. *Cybernetics and Human Knowing*. 2003. Vol. 10 (1). Pp. 47—60.
- Kull et al. 2009 — Kull K., Deacon K., Emmeche C., Hoffmeyer J., Stjernfelt F. Theses on Biosemiotics: Prolegomena to a theoretical biology. *Biological Theory*. 2009. Vol. 4 (2). Pp. 167—173.

- Pattee 2005 — Pattee H. H. The necessity of Biosemiotics: Matter-symbol complementarity. The physics and metaphysics of Biosemiotics. *Journal of Biosemiotics*. 2005. Vol. 1 (1). Pp. 223—238.
- Raible 2001 — Raible W. Linguistics and Genetics: Systematic parallels. *Language typology and language universals. An international handbook*. Haspelmath M., König E., Oesterreicher W., Raible W. (eds). Berlin: Walter de Gruyter, 2001. Pp. 103—123.
- Rothschild 1962 — Rothschild F. S. Laws of symbolic mediation in the dynamics of self and personality. *Annals of the New York Academy of Sciences*. 1962. Vol. 96 (3). Pp. 774—784.
- Searls 1993 — Searls D. The computational linguistics of biological sequences. *Artificial intelligence and molecular biology*. Menlo Park (CA): AAAI Press, 1993. Pp. 47—120.
- Searls 1999 — Searls D. Formal language theory and biological macromolecules. *Mathematical support for molecular biology*. American Mathematical Society Press. 1999. Pp. 117—140.
- Searls 2002 — Searls D. B. The language of genes. *Nature*. 2002. Vol. 420 (6912). Pp. 211—217.
- Searls 2010 — Searls D. B. Molecules, languages and automata. *Grammatical Inference: Theoretical Results and Applications Lecture Notes in Computer Science*. 2010. Vol. 6339. Pp. 5—10.
- Stjernfelt 2002 — Stjernfelt F. Tractatus Hoffmeyerensis: Biosemiotics as expressed in 22 basic hypotheses. *Sign Systems Studies*. 2002. Vol. 30 (1). Pp. 337—345.
- Suhr 2002 — Suhr St. Is the notion of language transferable to the genes? *Experimenting in Tongues: Studies in science and language*. Dörries M. (ed.). Stanford Univ. Press, 2002. Pp. 49—75.
- Trifonov 2000 — Trifonov E. Earliest pages of bioinformatics. *Bioinformatics*. 2000. Vol. 16 (1). Pp. 5—9.
- Trifonov 2008 — Trifonov E. Codes of biosequences. *Codes of life. The rules of macroevolution*. Barbieri M., Hoffmeyer J. (eds.). Biosemiotics. 2008. Vol. 1. Pp. 3—14.
- Trifonov 2011 — Trifonov E. Thirty years of multiple sequence codes. *Genomics. Proteomics & Bioinformatics*. 2011. Vol. 9 (1—2). Pp. 1—6.
- Venter et al. 2001 — Venter C. et al. The sequence of the human genome. *Science*. 2001. Vol. 291 (5507). Pp. 1304—1351.
- Watson et al. 2001 — Watson J. et al. International Human Genome Sequencing Consortium. Initial sequencing and analysis of the human genome. *Nature*. 2001. Vol. 409. Pp. 860—921.

Статья поступила в редакцию 28.05.2015.