

В тех же условиях возможны спонтанная полимеризация нуклеотидов и белков и самоорганизация их в капли, покрытые липидной мембраной (коацерваты, мариграны, микросферы). Однако комплементарная ауторепродукция ДНК в этих условиях практически невозможна.

Информационный аспект. В совр. биосфере репродукция ДНК осуществляется белком — репликазой. Биосинтез репликазы происходит на основе информации, содержащейся в соответствующем гене (участке ДНК). Эта информация записана в ДНК в форме последовательности из четырёх разных нуклеотидов. Трансляция её в последовательность аминокислот (20-буквенный код) происходит на основании кода, согласно к-рому каждой тройке нуклеотидов (кодону) соответствует определ. аминокислота. Этот код (т. е. алгоритм соответствия) одинаков во всей биосфере — от простейших организмов до человека. В совр. коде каждому аминокислотному остатку соответствует неск. кодонов, т. е. код вырожден. Однако обратное вырождение, т. е. случаи, в к-рых одному кодону соответствует неск. разных аминокислот, практически отсутствуют (имеются редкие исключения: в генетич. материале митохондрий, представляющих собой автономные внутриклеточные органеллы). Аппарат биосинтеза содержит набор адаптеров (белки — аминокислотил-аденилат синтетазы), несущий информацию о коде, и рибосомы, осуществляющие синтез белковой последовательности при участии реплики РНК и транспортных РНК, ответственных за связь между рибосомой и адаптерами. Т. о., имеется замкнутый цикл: белки катализируют ауторепродукцию ДНК, геном регулирует синтез этих белков. Система, содержащая такой цикл, названа гиперциклом.

Кол-во необходимой информации, содержащейся в аппарате биосинтеза, достаточно велико ($I \sim 1000$ бит). Вероятность случайного возникновения такой системы за один акт $w = 2^{-1} \approx 10^{-330}$, число актов в биосфере за время её существования $\sim 10^{30}$, т. е. реализация этого случая в течение времени существования Вселенной ($\sim 10^{10}$ лет) невероятна. В этом первая проблема Э. б.

Предлагаемое решение проблемы сводится к следующему. Первичный гиперцикл содержит всего две компоненты: двойную спираль (биспирали) ДНК произвольной последовательности и белок, имеющий форму чехла, окружающего биспирали, в периодически изменяющихся условиях (темпы, растворимость и т. д.) функционирующий как репликаза. Синтез такого белка может происходить путём полимеризации аминокислот, предварительно адсорбированных на биспирали ДНК (полимеризация на гетерогенном катализаторе), образующийся полимер — слепок с поверхности катализатора.

При адсорбции аминокислот на биспирали ДНК возможно избират. связывание аминокислот с определ. кодонами, имеющими к ним хим. средство. Благодаря этому при последующей полимеризации образуется белок-чехол, аминокислотная последовательность к-рого коррелирует с последовательностью кодонов в матричной ДНК. Вероятность такого процесса не мала, поскольку он протекает без участия кода, трансляции, аппарата биосинтеза и не нуждается в содержащейся в них информации.

След. проблема — образование адаптера, т. е. молекул, комплементарных, с одной стороны, к кодону, а с другой — к аминокислотному остатку. Синтез их также может происходить на основе гетерогенного катализа. Набор адаптеров в случае отсутствия обратного вырождения (т. е. адаптеров, комплементарных к одинаковым кодонам и разным аминокислотам) существенно ускоряет репродукцию гиперцикла; наличие же обратного вырождения ведёт к прекращению репродукции и гибели гиперциклов.

Совокупность одинаковых гиперциклов, образовавшихся в результате комплементарной ауторепродукции одной биспирали ДНК с одинаковым набором адаптеров, представляет собой первичный живой объект, обладающий информацией о коде. Популяция с др. предшественником (биспирали ДНК с др. последовательностью) обладает, вообще говоря, др. набором адаптеров, поскольку избира-

тельность взаимодействия аминокислот и кодонов не столь велика, чтобы обеспечить однозначность алгоритма соответствия. Поэтому множество объектов с разными предшественниками ещё не представляет собой первичную биосферу, поскольку каждый из объектов обладает своим вариантом кода.

Проблема образования единого кода сводится к проблеме выбора в условиях сильного антагонистич. взаимодействия разных объектов, когда их адаптеры смешиваются и возникает обратное вырождение. Выбор единого кода описывается матем. моделью типа Вольтера — Лотки:

$$\frac{dU_i}{dt} = U_i - \sum_{j \neq i}^N U_i U_j - a U_i^2,$$

где $U_i (U_j)$ — концентрация объектов i -го (j -го) типа, t — время; первый член описывает репродукцию, второй — антагонистич. взаимодействие разных объектов, третий — эффект «тесноты», т. е. конкуренцию одинаковых объектов. В случае, когда внутривидовой антагонизм меньше межвидового ($a < 1$), модель описывает образование чистого состояния, где остаётся одна из N возможных популяций (напр., i -тая), а все остальные вымирают: $U_i = 1/a$, $U_{j \neq i} = 0$. Симметричное состояние, где все U_i одинаковы, неустойчиво; какая из популяций победит, зависит от нач. концентраций и случайных флуктуаций. Выбор единого кода представляет собой конвергентную стадию, в результате к-рой формируется биосфера, однако ещё без многообразия её совр. состояния.

Проблема возникновения биол. асимметрии решается аналогично. В совр. живой природе оптически активные вещества (сахара и аминокислоты) присутствуют не в рацемич. смеси: преобладают правовращающие сахара и левовращающие аминокислоты. Рацемич. смеси невыгодны, т. к. в этом случае необходимо иметь удвоенный набор белков-ферментов — отдельно для левых и правых изомеров. Поэтому в живой природе могут существовать чистые («левые» или «правые») популяции, поскольку эти варианты равноправны. Взаимодействие между разл. популяциями антагонистично — «правые» сахара являются ядом для «левых» объектов и наоборот.

2. Проблема биологического разнообразия (дивергентная стадия)

По мере исчерпания ресурсов возникает необходимость появления белков-ферментов с новой ф-цией, способных утилизировать новые ресурсы. Расщепление популяции (дивергенция) происходит в результате образования нескольких новых белков с разными ф-циями, что позволяет осваивать разные биол. ниши. При этом необходимо сохранить белки, выполняющие прежние ф-ции.

После выбора единого кода и возникновения аппарата трансляции образуются белки с новой ф-цией, т. е. появляются новые участки ДНК, кодирующие эти белки. Это реализуется в процессах увеличения генома путём накопления тождественных копий и последующего накопления мутаций до тех пор, пока одна из копий не приобретёт новые свойства.

Ф-ции белка-фермента определяются строением активного центра (специфич. ф-ции) и структурой глобулы. От последней зависит стабильность белка, его способность к конформационным изменениям, растворимость в воде и (или) возможность внедрения в липидные мембраны (см. *Клеточные структуры, Растворы*). Новые специфич. ф-ции возникают за счёт точечных мутаций участка ДНК, кодирующего активный центр, а новые структурные ф-ции — за счёт блочных мутаций — т. е. новой комбинации участков ДНК. Кол-во возникающей новой ценной информации, необходимого для синтеза функционального белка, оценивается в $I \approx 100$ бит, осн. её часть (~ 70 — 80 бит) связана со структурными изменениями, сравнительно небольшая часть (~ 20 — 30 бит) необходима для организации активного центра, ответственного за специфичу ф-ции. Вероятность спонтанного образования объекта, содержащего ин-