О кодировании аминокислот в иРНК

П.П.Гаряев прочитал мою статью [3] на АТ и прислал благожелательный отзыв с русскоязычными вариантами своих последних англоязычных публикаций [4,5].

Разговор всё о том же...

О триплетах РНК и ДНК, кодирующих аминокислоты для трансляции белка. О теории «воблирования», о причинах, вызывающих это явление.

Вот так поставлен вопрос в работе П.П.Гаряева [4]:

Настоящая работа призвана в какой-то мере восполнить этот пробел. А он в понимании того, что главное, стратегическое и не понятое в работе хромосом это кодировка динамичной, и вместе с тем относительно постоянной, пространственно-временной структуры биосистем. Здесь роль белковых генов, вероятно, вторична, да и механизмы кодирования белков, в рамках модели генетического кода Ниренберга-Крика, нуждаются в существенных поправках.

...Если генетический белковый код и его производные поняты неправильно, что сейчас становится все более очевидно, то это контр продуктивно и опасно. Мы уже видим, к чему это привело - к созданию и широкому использованию генетически модифицированных продуктов питания, а также бактерий (т.н. «Синтий») с искусственно синтезированным геномом. Синтии убивают все живое в Мексиканском заливе и уже за его пределами [3]. Начало такому пангенетическому коллапсу на планете Земля, как ни странно, положила нобелевская модель биосинтеза белков, до недавнего времени воспринимаемая как догмат и как единственная и правильная. Это было, и пока еще есть, большая мировоззренческая ошибка и, в еще большей степени, ошибка практического ориентира использования этой модели как бы во благо человека.

Обратимся к Нобелевской модели генетического (белкового) кода, которая в своей основе до сих пор неизменна и которая, с небольшими тактическими добавками, отражает уровень наших устаревших знаний 60-х годов прошлого века.

Эта модель, за которую Маршал Ниренберг в 1968 году получил Нобелевскую премию [4].

...Собственно, не надо даже экспериментов, чтобы убедиться в ложности однозначной модели кода достаточно заглянуть в ее канонизированную таблицу и учесть, что 3'-5' кодон-антикодоновые пары, в соответствии с Вобл-гипотезой Ф.Крика, не участвуют в кодировании аминокислот. И соответственно, 64 кодона, шифрующие 20 аминокислот, автоматически распадаются на две равные части — 32 кодона-синонима и 32 кодона-омонима.

Далее воспользуемся данными работы [5].

П.П.Гаряев [4,5] решает задачу введением сиомов.

	Таблица 1.										
_	Синонимо-омонимическая двумерность генетического кода										
C	ſ	Asp	Glu	Lvs	Gln	Gln	His	Leu	Phe	Ileu	Met
И Н О		GA _C GA _U	GA_A GA_G	AA _C AA _U	AA_A AA_G	CA_A CA_G	CA _C CA _U	UU _A UU _G	UU _c UU _u	AU _A AU _C	AU _G
Н							C	T	G4	AU_U	C)
И М						rg AG _A	Ser AG _C	$\frac{\mathbf{Trp}}{\mathbf{UG}_{G}}$	Stop UG _A	Tyr UA _C	Stop UA _A
И						AG_G	AG_U	UG_T	UG_C	UA _U	UA_G
Я	ОМОНИМИЯ										

То, что получилось, на таблице 2.

Подход фиксирует равномерное распределение *сиомов* и омонимов в триплетах аминокислот.

Биофункция такого синонимо-омонимического дуализма (в пределах смешанных семейств кодонов), возможно, в придании еще большей гибкости коду. Такая дуалистичность фактически означает гибридизацию кодовых возможностей в восьми смешанных семействах кодонов. Поэтому удобнее было бы их назвать их как СИОМ семейства (от смешения слов СИноним и ОМоним). А эту характеристику кода назвать СИОМИЕЙ. [5]

¹ Автор книги «Волновой геном. Теория и практика» http://www.trinitas.ru/rus/doc/0016/001c/00161725.htm

В результате введения сиомии общая таблица кодонов несколько изменилась...

Таблица 2.

красные – смешаные кодоны – сиомы (синонимы+омонимы), голубые – синонимы



	С	G	T(U)	A	
T(U)	TCT Ser TCC Ser TCA Ser TCG Ser	TGT Cys TGC Cys TGA Stop TGG Trp	TTT Phe TTC Phe TTA Leu TTG Leu	TAT Tyr TAC Tyr TAA Stop TAG Stop	
A	ACT Thr ACC Thr ACA Thr ACG Thr	AGT Ser AGC Ser AGA Arg AGG Arg	ATT Ile ATC Ile ATA Ile ATG Met	AAT Asn AAC Asn AAA Lys AAG Lys	
С	CCT Pro CCC Pro CCA Pro CCG Pro	CGT Arg CGC Arg CGA Arg CGG Arg	CTT Leu CTC Leu CTA Leu CTG Leu	CAT His CAC His CAA Gln CAG Gln	
G	GCT Ala GCC Ala GCA Ala GCG Ala	GGT Gly GGT Gly GGA Gly GGG Gly	GTT Val GTC Val GTA Val GTG Val	GAT Asp GAC Asp GAA Glu GAG Glu	

Но есть и другие отображения формирования триплетов для синтеза белка. Разные ученые пытаются решить эту задачу своими методами. В статье [6] С.В.Инге-Вечтомова мы видим еще пару вариантов таких отображений. Например, так:

Таблица 3.

A	Ala	Аланин	GCA GCC GCG GCU
C	Cys	Цистеин	UGC UGU
D	Asp	Аспарагиновая кислота	GAC GAU
E	Glu	Глутаминовая кислота	GAA GAG
F	Phe	Фенилаланин	UUC UUU
G	Gly	Глицин	GGA GGC GGG GGU
H	His	Гистидин	CAC CAU
I	Ile	Изолейцин	AUA AUC AUU
K	Lys	Лизин	AAA AAG
L	Leu	Лейцин	UUA UUG CUA CUC CUG CUU
M	Met	Метионин	AUG
N	Asn	Аспарагин	AAC AAU
P	Pro	Пролин	CCA CCC CCG CCU
Q	Gln	Глутамин	CAA CAG
R	Arg	Аргинин	AGA AGG CGA CGC CGG CGU
S	Ser	Серин	AGC AGU UCA UCC UCG UCU
T	Thr	Треонин	ACA ACC ACG ACU
V	Val	Валин	GUA GUC GUG GUU
W	Trp	Триптофан	UGG
Y	Tyr	Тирозин	UAC UAU

Возможно, для кого-то будет интересным и круговое изображение этой же таблицы. Оно на puc.1

Но, перед этим... цитата [6]:

Как известно, оснований, которыми различаются нуклеотиды, всего четыре. В РНК это <u>аденин</u> (A), <u>гуанин</u> (G), <u>цитозин</u> (C) и <u>урацил</u> (U) (Т-<u>тимин</u> в ДНК), а обычных <u>аминокислот</u>, входящих в белки, - 20 (рис. 1). Следовательно, задача сводится к тому, чтобы четырьмя основаниями записать двадцать

аминокислот. И отсюда следует, что код должен быть не менее чем триплетным, поскольку по одному основанию и даже по два (4 х 4 = 16) недостаточно, а по три даже много (4 х $4 \times 4 = 64$). Сколько же кодонов из 64 имеют смысл, а какие бессмысленны? Соответствует ли каждой аминокислоте один или несколько кодонов? Ответы на эти вопросы были получены к 1965 году, когда генетический код был полностью расшифрован [см. 6]. Удобнее всего представить код в круговой форме (рис. 1). Буквы в центре круга - первые буквы кодонов, вокруг расположены буквы, соответствующие второму положению в кодоне, и, наконец, третий круг - третье положение в кодоне. Четвертое кольцо образуют аминокислотные остатки, представленные в виде трехбуквенных сокращений. Во внешнем круге отмечены физико-химические свойства аминокислот, а именно являются ли они полярными (п) или неполярными (нп). Сразу видно, что каждой аминокислоте соответствует от одного (Met, Trp) до шести (Leu, Arg, Ser) кодонов, то есть код обладает свойством избыточности, или вырожденности (табл. 1).

Кодон для метионина одновременно служит инициатором - сигналом начала синтеза полипептида. Кодонов, не кодирующих аминокислот, оказалось всего три: UAA, UAG, UGA. Поначалу их назвали бессмысленными кодонами или нонсенсами (это название сохранилось в научном обиходе до сих пор), однако вскоре выяснилось, что они вовсе не бессмысленны, а представляют собой сигналы терминации синтеза белка. Действительно, в дальнейшем, когда начали расшифровывать нуклеотидные последовательности генов, убедились, что первый же встреченный на иРНК кодон AUG (Met) задает фазу последующего считывания троек, то есть служит той самой фиксированной точкой, с которой начинается считывание. Любой последующий AUG просто кодирует Met. В конце гена обязательно стоит UAA, или UAG, или UGA, а то и два нонсенса подряд.

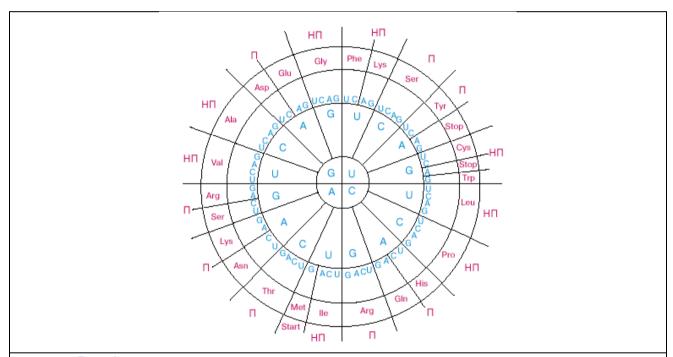


Рис. 1. Генетический код в круговой форме. Внутренний круг - первая буква кодона, второй круг - вторая буква кодона, третий круг - третья буква кодона, четвертый круг - обозначения аминокислот в трехбуквенном сокращении (см. табл. 1). Остальные пояснения см. в тексте.

Теперь приведем и цитату [6]:

Знакомство с таблицей генетического кода позволяет заметить, что для кодирования большинства аминокислот существенны два первых основания, а третье может быть любым. Следовательно, мутации замены оснований в третьем положении многих кодонов просто не будут проявляться. Кроме того, ограниченные возможности проявления имеют и мутации, приводящие к замене полярного остатка на полярный или неполярного на неполярный, поскольку они часто близки по своим физико-химическим свойствам. Если такие мутации и проявляются, то проявляются нечетко, то есть мутантный белок не полностью утрачивает свою активность, а лишь частично. Так могли возникать в эволюции так называемые полипептидысинонимы, имеющие одинаковую укладку и ферментативную активность, но разную первичную структуру.

Вот эти выделенные в цитате слова и стали основой теории «воблирования»...

В споре о возможности такого «воблирования» и о том, что при синтезе белка для кодона иРНК «существенны два первых основания, а третье может быть любым» уже стало классическим высказыванием.

Когда-то я тоже заинтересовался этим вопросом... и начал свои поиски.

Начал я с «классики»..., с таблицы кодирующих триплетов.

Вот эта таблица очень близка к «классической»:

Таблица 4.

Стандартный генетический код										
1-е	2-е основание									
основание		U	C		A		G		основание	
Je	UUU	(Phe/F) <u>Фенилаланин</u>	UCU	(Ser/S) <u>Серин</u>	UAU	(Tyr/Y) <u>Тирозин</u>	UGU	(Cys/C)	U	
	UUC		UCC		UAC		UGC	<u>Цистеин</u>	С	
U	UUA		UCA		UAA	<u>Стоп</u> (<i>Oxpa</i>)	UGA	<u>Стоп</u> (Опал)	А	
	UUG		UCG		UAG	<u>Стоп</u> (Янтарь)	UGG	(Trp/W) <u>Триптофан</u>	G	
	CUU	- (Leu/L) <u>Лейцин</u>	CCU	(Pro/P) <u>Пролин</u>	CAU	(His/H) <u>Гистидин</u>	CGU	(Arg/R) <u>Аргинин</u>	U	
C	CUC		ссс		CAC		CGC		С	
C	CUA		CCA		CAA	(Gln/Q)	CGA		А	
	CUG		CCG		CAG	<u>Глутамин</u>	CGG		G	
	AUU	(lle/l) <u>Изолейцин</u>	ACU	(Thr/T) <u>Треонин</u>	AAU	(Asn/N) <u>Аспарагин</u> (Lys/K)	AGU	(Ser/S) <u>Серин</u>	U	
	AUC		ACC		AAC		AGC		С	
A	AUA		ACA		AAA		AGA	(Arg/R)	А	
	AUG ^[A]	(Met/M) <u>Метионин</u>	ACG		AAG	<u>Лизин</u>	AGG	<u>Аргинин</u>	G	
	GUU	(Val/V) <u>Валин</u>	GCU		GAU	(Asp/D) <u>Аспарагино</u> <u>вая кислота</u> (Glu/E)	GGU	(Gly/G) Глиц	C	
	GUC		GCC	(Ala/A) <u>Аланин</u>	GAC		GGC		С	
G	GUA		GCA		GAA		GGA	ин	А	
	GUG		GCG		GAG	<u>Глутаминов</u> <u>ая кислота</u>	GGG		G	

Видите? Первое основание, второе,... третье... Из них получаются триплеты, кодирующие ту или иную аминокислоту при синтезе белка рибосомой.

Но, непонятно, почему одна и та же аминокислота вдруг оказывается в разных частях таблицы с разными триплетными кодами... Например, аргинин, серин...

Как же так получилось, что триплеты разных групп кодируют одну и ту же аминокислоту? Может быть случайность так распорядилась?

Может быть...

У меня, как у дилетанта сразу возникли вопросы, которые наверно у ученых-биологов не возникают. Как клетка смогла определить, какой элемент кодона является первым, а какой третьим? На какой половинке ДНК формируется иРНК с информацией для трансляции белка?

Ну и так далее. Вопросов оказалось много.

Оказалось, что... иРНК образуется на... любой половинке ДНК, а потом ведется поиск «старт-кодонов» и «стоп-кодонов». По их наличию определяется возможность начала процессинга иРНК или подготовки «зрелой» РНК, годной для трансляции белка...

Но, совершенно точно, считать клетка не умеет.

И потому, ей всё равно, где первый элемент триплета и в какую сторону идет движение рибосомы. Тогда у меня возник новый вопрос: Если кодонов 64, то почему они кодируют только 20 аминокислот?

Аминокислот в реальности больше чем двадцать, а даже для 21-ой и 22-ой места в таблице триплетов уже не находится. Почему? С другой стороны некоторые аминокислоты имеют до 6 разных триплетов кодирования. Не многовато ли?

Говорят, что так получилось от того, что одна аминокислота применяется чаще, а другая реже. Хотя, мы же знаем, при неперекрываемом кодировании для кодирования любой аминокислоты в основаниях ДНК достаточно одного кодового триплета. Повторяй один кодон сколько угодно раз, и получай столько молекул нужной аминокислоты в белке. Легко, просто, понятно. И энергозатраты минимальны.

Если же кодирование аминокислот в последовательности оснований РНК сразу возникло как триплетное, то даже полная случайность и хаотичность начального возникновения кодонов не должны были дать конечное количества именно в 20 аминокислот. Оно должно быть ближе к пределу 64 аминокислот, из трехсот-то возможных!

Читаем здесь [9]:

1. Транспортные РНК (тРНК) состоят примерно из 70 нуклеотидов. Каждая тРНК имеет акцепторный конец, к которому присоединяется аминокислотный остаток, и адаптерный конец, несущий тройку нуклеотидов, комплементарную какому-либо кодону иРНК (см. рис. 2), потому этот триплет назвали антикодоном. Первый и второй нуклеотиды кодона строго следуют правилам комплементарности (A - U; G - C) при взаимодействии с соответствующими нуклеотидами антикодона, а вот взаимодействие с третьим нуклеотидом кодона позволяет себе некоторую нестрогость, неоднозначность спаривания. Благодаря этой неоднозначности каждое семейство кодонов для одной аминокислоты, различающихся по третьему нуклеотиду, может "обслуживаться" одним антикодоном. С учетом этих правил для считывания всей кодовой таблицы достаточно всего 31 тРНК. Тем не менее все не так просто, и уже у бактерий есть 45 разных тРНК. Их кодируют 78 генов. У дрожжей этих генов уже 400, у мушки дрозофилы - около 750, а у лягушки - уже примерно 8000, то есть получается, что одну молекулу тРНК могут кодировать несколько одинаковых или очень близких по структуре генов, и чем "дальше" в эволюции, тем больше таких генов для кодирования одинаковых тРНК.

Вот видите? Технические возможности этого способа кодирования дают сразу 31 тРНК или даже 45 тРНК для осуществления триплетного синтеза белка. Это ощутимо больше применяемых 20 аминокислот.

Но, можно предположить, что ...сначала все было не совсем так, чем сейчас.

Тогда, в начале... «рамка считывания» рибосомы каждый раз сдвигалась только на один знак, а считывалось всё время по три знака, как триплет.

Вот пример:

Есть какая-то последовательность нуклеотидов, например: АСГТАГТСААТС...

И ... смотрим таблицу 5.

Следите за цветом букв в результате считывания. Например, смотрим на голубой в первых трех считываниях. Видите, как он меняет позицию при переходах?

Только каждый третий - новый триплет. На 12 полученных триплетов совсем новых -4.

Видимо такой способ движения рамки по цепи РНК когда-то и определил количество примененных аминокислот в современном рибосомном способе производства белка - 20 аминокислот. Как это происходило?

Вот наглядный пример.

Триплетов по 3 из 4 возможно 64.

Как же так?

Почему же аминокислот только 20?

	Таблица 5.					
$\mathcal{N}\underline{o}$	Положение рамки	Считывается				
	считывания					
1	<u>ACΓ</u> ΤΑΓΤCAATC	ACI				
2	Α <u>СГТ</u> АГТСААТС	CFT				
3	ΑC <u>ΓΤΑ</u> ΓΤCΑΑΤС	ГТА				
4	ΑCΓ <u>ΤΑΓ</u> ΤCΑΑΤC	TA Γ				
5	АСГТ <u>АГТ</u> СААТС	$\mathbf{A}\mathbf{\Gamma}\mathbf{T}$				
6	АСГТА <u>ГТС</u> ААТС	Γ TC				
7	АСГТАГ <u>ТСА</u> АТС	TCA				
8	АСГТАГТ <u>САА</u> ТС	CAA				
9	АСГТАГТС <u>ААТ</u> С	AAT				
10	АСГТАГТСА <u>АТС</u>	ATC				
11	АСГТАГТСАА <u>ТС</u>	TC				

Если все знаки триплета полностью изменяются только за три сдвига «<u>рамки считывания</u>», то полностью независимых вариантов в первых 64 триплетах при таком сдвиге рамки будет только:

64:3≈21:

Это, как раз, количество применяемых аминокислот и команда «Стоп». Остальные 42 варианта триплетов становятся переходными между этими независимыми [3].

И похоже, мы неверно понимаем явление вырожденности кодонов. Это не расширение возможностей системы в кодировании информации, а «ошибки её прошлого». Это отголосок той, исходной системы кодирования...

Вырожденность кода триплета — вынужденная мера, впрямую связанная с первоначальным способом считывания кода. Так уж получилось в ходе эволюции.

В этом случае понятна вырожденность кода аминокислоты в триплете. Она возникла от исходной перекрываемости кода [3], хоть наука и говорит обратное.

Тогда, возможно, что эти 20 триплетных кодов и «стоп-кодон» формировались по какому-то доступному для клеток способу, не связанному со счетом и определением нумерации оснований триплета?

А что если первые триплеты клетка формировала исходя из их симметричности...?

Применим принцип симметричности в поиске нужных сочетаний и проверим, насколько мы правильно поняли путь природного кодирования аминокислот в ДНК. Для этого соберем все варианты симметричных кодов в таблицу 6.

Отличный результат..., 15 из 16 возможных аминокислот получили симметричные коды.

Но, осталось еще 5 аминокислот и СТОП.

Видимо Природа шла тем же путем, ... и споткнулась на том же месте. Все симметричные варианты использованы, запаса для расширения системы нет, а кодов не хватает. Какой следующий вариант применила она для продолжения поиска кодов?

Но и тут эволюционная логика развития показывает интересный пример. До конца и сразу использованы только полные симметрии. Остальные варианты использованы не сразу.

Конечно, когда-то клетка перешла на способ формирования прямого триплетного сдвига «рамки

считывания». И вроде теперь-то уже можно использовать все 64 варианта триплетов, как отдельные кодоны для аминокислот?

Но - нет. Количество аминокислот уже не увеличилось.

Потому, что полного слома той первичной, уже почти забытой системы сдвига рамки считывания не произошло, а значит осталась и та система формирования количества используемых аминокислот. Сегодня мы так и имеем 20 аминокислот и 64 кодона. На каждую аминокислоту приходится от 1 до 6 различных вариантов кодонов.

Только постепенный переход от одноместного движения «рамки считывания» к триплетному может дать имеющийся фактический результат. Все усложнения и дополнения этого процесса получения информации для синтеза белка по шаблону мРНК были уже чуть позже. Вместе с организацией первого централизованного управления на основе машины управления с ферментным уровнем сигнальных путей [7].

Но...

Мы запомним этот очень показательный пример использования симметрий в кодировании триплетов. И применим основу его формирования к полной таблице триплетов.

На круговой диаграмме (рис.1.) обратите внимание, например на аминокислоты Ser, Leu или Arg. Их группы кодирования расположены в разных сегментах диаграммы и, на

Таблица 6.

		таолица о.			
№		Основной			
145	Аминокислота	информационный			
_	7.	код по РНК			
1	Phe	טטט			
2	Pro	ccc			
3	Lys	AAA			
4	Gly	GGG			
5	lle	AUA			
6	Arg	AGA			
7	Thr	ACA			
8	Tyr	UAU			
9	Cys	UGU			
10	Ser	UCU			
11	Glu	GAG			
12	Val	GUG			
13	Ala	GCG			
14	His	CAC			
15	Leu	CUC			
16	Gln	CAA			
17	Asn	AAC			
18	Trp	UGG			
19	Стоп	UAA			
20	Asp	GAC			
21	Старт - Met	AUG			
	Стоп	<u>UAG</u>			
	Стоп	<mark>UGA</mark>			

первый взгляд, никак между собой не связаны. Для понимания принципа появления их кодов нам придется рассмотреть, например, симметрии.

Из таблицы 3 выпишем данные для анализа.

И мы увидим: аминокислота Arg кодируется как - A_G^GA , G_G^GA , G_G^GC , G_G^GC , G_G^GC .

Для аминокислоты Leu - UUA, UUG, CUA, CUC, CUG, CUU.

В обоих случаях все коды крутятся вокруг центральных в триплете нуклеотидов.

Для Arg это нуклеотид G, для Leu это нуклеотид U. A вокруг этих центров симметрии уже группируются коды триплетов этих аминокислот.

Это основной вариант формирования кодов триплетов. Такие симметрии здесь заполняют основной объем кодирования.

Другой вариант мы видим для аминокислоты **SER** – $A_{\mathbf{G}}^{\mathbf{G}}$ G, $A_{\mathbf{G}}^{\mathbf{G}}$ U, $U_{\mathbf{C}}^{\mathbf{C}}$ G, $U_{\mathbf{C}}^{\mathbf{C}}$ C, $U_{\mathbf{C}}^{\mathbf{C}}$ A. Здесь использовано два центра симметрий **G** и **C**.

Это уже уникальный вариант кодирования...

«Главным» элементом для формирования кодонов стал... средний элемент триплета. Центр симметрии триплета. Так клетка определяет «начало» триплета.

Потом идут «фланги», правый и левый.

Попробуем составить полную таблицу триплетов для всех аминокислот на новых принципах. В основу кодирования поставим центр триплета.

И посмотрим, что получится... на таблице 7.

Таблица 7.

									1
	Центр		_				_	_	
Nº	триплета		Аминокислота	1	2	3	4	5	6
1	А	Asp	Аспарагиновая кислота		GAC		GAU		
2	А	Gln	Глутамин	CAA		CAG			
3	А	Asn	Аспарагин		AAC		AAU		
4	А	Туг	Тирозин		UAC		UAU		
5	А	Glu	Глутаминовая кислота	GAA		GAG			
6	А	His	Гистидин		CAC		CAU		
7	А	Lys	Лизин	AAA		AAG			
8	С	Thr	Треонин	ACA	ACC	ACG	ACU		
9	С	Pro	Пролин	CCA	CCC	CCG	CCU		
10	С	Ala	Аланин	GCA	GCC	GCG	CCU		
11	GC	Ser	Серин	UCA	UCC	UCG	UCU	AGC	AGU
12	G	Arg	Аргинин	CGA	CGC	CGG	CGU	AGA	AGG
13	G	Gly	Глицин	GGA	GGC	GGG	GGU		
14	G	Cys	Цистеин		UGC		UGU		
15	G	Trp	Триптофан			UGG			
16	U	Met	Метионин			AUG			
17	U	Phe	Фенилаланин		UUC		UUU		
18	U	Val	Валин	GUA	GUC	GUG	GUU		
19	U	Leu	Лейцин	CUA	CUC	CUG	CUU	UUA	UUG
20	U	lle	Изолейцин	AUA	AUC		AUU		

Выделим красным симметрии. Как триплеты, так и аминокислоты, чтобы понять, насколько равномерно распределены симметрии по всей таблице...

Заметим, что у Arg использовано две симметрии CGC и AGA. Но для всех аминокислот в других группах симметрий не хватило. В основном, для аминокислот с малым количеством кодонов. Похоже, что они включались в работу в последнюю очередь...

Ну это так, собственные домысливания...

Отметим, что использование двух центров симметрии для одной аминокислоты в кодировании, это явление уникальное. Оно применено только для серина. И больше нигде.

Все остальные аминокислоты имеют только один центр кодирования. При этом на одну аминокислоту приходится только один симметричный код. В пятнадцати случаях.

В остальных триплетах такой симметрии нет. И тогда в ход идут другие варианты. Уже не такие симметричные.

Количество групп кодонов теперь снижено до 4 возможных. По букве центра кодона. Видны и еще некоторые особенности кодирования

вспомним главный посыл теории «воблирования»: «для кодирования большинства аминокислот существенны два первых основания, а третье может быть любым»...

Если колирование любой аминокислоты начинается даже не с начальных оснований, а с центра симметрии триплета, то теория воблирования оснований [8] теряет часть обоснования.

И действительно...

Одного нет в этой таблице..., «воблирования» третьего основания. Потому, что есть триплет, есть его центр, и есть правое и левое основание. И их взаимные изменения. Ну да, в большинстве триплетов для одной аминокислоты действительно постоянной остается только центральное основание, а правое и левое ... изменяются.

Смотрим, например, лейцин. Левое основание может быть С или U. Правое основание для левого С может быть А, С, G, U, а для левого основания U правое основание может быть А или G. Это «воблирование»?

Не знаю...

август 2018 г.Волгодонск

Литература:

- Никитин А.В., Эволюционный путь саморазвития искусственного интеллекта // «Академия Тринитаризма», М., Эл № 77-6567,публ.14738, 19.03.2008 http://trinitas.ru/rus/doc/0016/001c/00161450.htm
- 2. Никитин А.В., Триплеты в ДНК // «Академия Тринитаризма», М., Эл № 77-6567, публ.16062, 05.09.2010 http://trinitas.ru/rus/doc/0016/001c/00161697.htm
- 3. Никитин А.В., Проблемы понимания системы кодирования ДНК // «Академия Тринитаризма», М., Эл № 77-6567, публ.16181, 27.11.2010 http://www.trinitas.ru/rus/doc/0016/001c/00161731.htm
- 4. The Syhomy of the Genetic Code Is the Path to the Real Speech Characteristics of the Encoded Proteins http://www.scirp.org/Journal/PaperInformation.aspx?PaperID=85202
 5. П.П.Гаряев, Е.А.Леонова-Гаряева. СИОМИЯ ГЕНЕТИЧЕСКОГО КОДА – ПУТЬ К
- РЕАЛЬНЫМ РЕЧЕВЫМ ХАРАКТЕРИСТИКАМ КОДИРУЕМЫХ БЕЛКОВ
- РЕАЛЬНЫМ РЕЧЕВЫМ ХАРАКТЕРИСТИКАМ КОДИРУЕМЫХ БЕЛКОВ http://molbiol.ru/forums/index.php?act=Attach&type=post&id=303530
 6. С. Г. ИНГЕ-ВЕЧТОМОВ Трансляция как способ существования живых систем, или в чем смысл "бессмысленных" кодонов http://mature.web.ru/db/msg.html?mid=1157633&s
 7. Никитин А.В., Общая логика. Этапы развития жизни на Земле. Часть 7 // «Академия Тринитаризма», М., Эл № 77-6567, публ.24685, 04.08.2018 http://www.trinitas.ru/rus/doc/0016/0016/00163755.htm
 8. Гаряев П.П., Лингвистико-волновой геном. Теория и практика // «Академия Тринитаризма», М., Эл № 77-6567, публ.16162, 19.11.2010 http://www.trinitas.ru/rus/doc/0016/001c/00161725.htm
 9. С. Г. ИНГЕ-ВЕЧТОМОВ. Трансляция как способ существования живых систем, или в чем смысл "бессмысленных" колонов. Продолжение
- чем смысл "бессмысленных" кодонов. Продолжение. http://nature.web.ru/db/msg.html?mid=1157633&uri=1.html