

FRactal Coronavirus Genome Image COVID-19

Makarov L.M.¹, Pozdnyakov A.V.² (Russian Federation)

Email: Makarov569@scientifictext.ru

¹Makarov Leonid Mikhailovich - Candidate of Technical Sciences, Professor,
DEPARTMENT OF DESIGNING AND PRODUCTION OF RADIO-ELECTRONIC MEANS,
ST. PETERSBURG STATE UNIVERSITY OF TELECOMMUNICATIONS
OF THE PROF. M.A. BONCH-BRUYEVICH;

²Pozdnyakov Alexander Vladimirovich - Doctor of Medical Sciences, Professor,
DEPARTMENT OF MEDICAL BIOPHYSICS,
ST. PETERSBURG STATE PEDIATRIC MEDICAL UNIVERSITY,
ST. PETERSBURG

Abstract: the technology of computer construction of fractal image of coronavirus Covid-19 based on NCBI data on genotype of polypeptide chain created by sequencing method is presented. The classical concepts of thermodynamics and information theory are reproduced, by means of which the concept of evolutionary development of biological objects is realized in the irrational basis of dual variables of the genome. Computer procedure of fractal image creation is reproduced, which provides isolation of fragments of gene structure, which have different complexity and are available for verification for denaturalization purpose.

Keywords: coronavirus Covid-19, fractal image.

ФРАКТАЛЬНЫЙ ОБРАЗ ГЕНОМА КОРОНАВИРУСА COVID-19

Макаров Л.М.¹, Поздняков А.В.² (Российская Федерация)

¹Макаров Леонид Михайлович – кандидат технических наук, профессор,
кафедра конструирования и производств радиоэлектронных средств,
Санкт-Петербургский государственный университет телекоммуникаций
им. проф. М.А. Бонч-Бруевича;

²Поздняков Александр Владимирович – доктор медицинских наук, профессор,
кафедра медицинской биофизики,
Санкт-Петербургский государственный педиатрический медицинский университет,
г. Санкт-Петербург

Аннотация: представлена технология компьютерного вычисления параметров фрактального образа коронавируса Covid-19 с использованием базы NCBI данных о генотипе, представленных в формате полипептидной цепи, созданной методом секвенирования. Выделены основные классические понятия теоретических основ термодинамики и теории информации, посредством которых реализуется концепция эволюционного развития биологических объектов в базе дуальных переменных генома. Воспроизведена процедура создания фрактального образа реального генотипа вируса, обеспечивающая отчетливое выделение фрагментов генной конструкции, обладающих разной сложностью и доступных для верификации с целью денатурализации.

Ключевые слова: коронавирус Covid-19, фрактальный образ.

УДК 519.61 + 539.1

DOI: 10.24411/2542-0798-2020-16902

Оперируя большими массивами понятий и определений об окружающем мире, в социуме постоянно актуализируется проблема формирования обобщенного образа наблюдаемых процессов и объектов. Эта естественная задача для разных эпох развития социума решается научными средствами – созданием новых инструментов и средств познания.

Фракталы – это образы процессов, объектов и явлений, создаваемые средствами информационных технологий – компьютерными вычислениями. В таком понимании наиболее простые элементы фрактального образа недоступны при прямом наблюдении за объектом или процессом, а должны создаваться серией вычислительных процедур, результатом которых является геометрический образ, например, спираль.

Простые элементы фрактального образа образуют множество. Для фрактального образа характерно, что один или несколько элементов являются уменьшенной копией всего процесса или объекта. Представление о множестве и элементах множества, формально обладающих подобием, создает предпосылки для конструирования некоторого гипотетического объекта, свойства которого допускают интерпретацию при обращении к любому Природному, реально наблюдаемому процессу или объекту.

Обратимся к рассмотрению такого гипотетического объекта, воспроизводимого вычислительными средствами. Введем некоторые ограничения на воспроизводимые, вычислительными средствами, модели процессов и объектов. Придерживаясь материалистических воззрений на процессы и объекты окружающего мира, будем полагать, что все они обладают некоторым показателем продолжительности существования – жизни. Этот тезис следует понимать как некоторое ограничение на эволюционное развитие материальных процессов и объектов, фактически устанавливаемое в базисных понятиях термодинамики.

В таком случае можно постулировать наличие некоторого предельного состояния сложной системы, когда значение энтропии огромно. Это соответствует большой сложности создания информационного описания. В противоположность к этому тезису следует признать возможность существования пространственно-временного континуума с малым и даже минимальным значением энтропии. Для такого состояния системы представляется возможным установить информационную и функциональную закономерность смены событий. Это базовые понятия термодинамики. Развивая эти представления в терминах теории хаоса, например, космоса, нетрудно обнаружить стартовый момент – точку сингулярности, гипотетически устанавливающую начало эволюционного процесса – зарождение солнечной системы. В последствие, для такой системы, обнаруженное расширение пространственно-временного континуума демонстрирует наличие Природного свойства – стремление к увеличению энтропии. Этот процесс, фиксируемый в настоящее время множеством измерительных инструментов, в явном виде демонстрирует проявление фрактальных свойств пространственно- временного континуума.

Пространственно-временной континуум, пронизывающий все материальные объекты Природы, проявляет фрактальные свойства и на уровне живых объектов. Фрактальность, проявляющаяся как отражение естественных природных процессов в строении живой материи, характеризуется специфичностью генных конструкций. Такие конструкции на цитологическом и морфологическом уровне достаточно полно изучены [1]. Несомненная ценность таких исследований проявляется в том, что позволяет установить наличие единых принципов Природы формирования сложных процессов, в том числе и таких которые приводят к синтезу живой материи.

Выделяя этот тезис можно сказать, что наличие момента старта процесса синтеза живой материи, характеризуется определенным значением энтропии. Именно такое значение энтропии однозначно определяется информационным потенциалом, который установлен генотипом для запуска процессов синтеза изучаемого живого организма. С точки зрения генетики информационный потенциал это ДНК (дезоксирибонуклеиновая кислота) – макромолекула, реализующая функцию развертки эволюционных событий для конкретного живого организма. В генетике, дополняя эти представления, выделяют фрагменты ДНК, которые называют генами, которые в структурном отношении представлены линейной цепью аминокислот.

Следуя этим представлениям и создавая некоторую аналогию с привычным текстовым материалом, полагают, что набор генов это, альянс словоформ, созданный из ограниченного списка аминокислот, количество которых принимают равным 20.

Отмечая несомненную значимость Природного процесса синтеза живой материи, следует признать наличие подобного акта, проявляющегося в творческой деятельности, в создании литературного произведения. Это суждение можно дополнить, обращаясь к Природному синтезу атомов химических элементов. Обнаруживаемый изоморфизм понятий и определений из разных областей знаний убедительно свидетельствует о наличии феноменологической основы, которая создается на известных представлениях о геометрической фигуре окружности, или иначе, сферы в пространстве [2].

Действительно, с точки зрения термодинамики периметр окружности, вследствие иррационального определения, представляется бесконечным значением. Процесс увеличения периметра окружности соотносим с ростом энтропии. Параметрическое задание окружности оперирует двумя нормированными показателями осей: а и b. Длина периметра определяется по выражению [2]:

$$L_p = a(2.28(\frac{b}{a})^{1.308} + 4) \quad (1)$$

Для классической окружности, при a=b имеем $L_p = 3,14 = \pi$. В радианной мере это соответствует полукружности, которая символизирует наличие симметрии в Природе. Наличие массива М составленного из а и b элементов, позволяет оценить информационную энтропию [4].

Развивая эти представления, отчетливо просматривается постулат о наличии аналогичных функциональных проявлениях, обнаруживаемых на массиве полипептидной цепи генома, например, коронавируса.

Общее описание, любой полипептидной цепи – набора генов, можно найти на информационном ресурсе NCBI [3]. Рассмотрим полипептидную цепь штамма коронавируса Cov-19: тяжелый острый респираторный синдром коронавирус 2 изолируют SARS-CoV-2 / WA-UW302 / human / 2020 / USA / [3]. Атрибуты Локус MT 263385. Длина: 29610 bp. Тип молекулы: РНК. Происхождение: Homo sapiens. Географическое положение: США, март 2020 г.

В качестве иллюстрации представим в таблице 1 фрагмент полипептидной цепи – сектор 1. Отмечаем в каждой из 6 строк наличие 6 групп по 10 элементов. Полный объем массива М=360 элементов. По аналогии созданы все сектора исследуемого локуса.

Таблица 1. Фрагмент локуса MT 263385

№	1	2	3	4	5	6
	Наборы аминокислот, кодирующие геном вируса					
1	agaaaaacaca	cgccaactc	agttgcctg	ttttacaggt	tcgcgacgtg	ctcgtacgtg
61	gctttggaga	ctccgtggag	gaggtcttat	cagaggcacg	tcaacatctt	aaagatggca
121	cttgtgctt	agtagaagtt	gaaaaaggcg	ttttgcctca	actgaacag	ccctatgtgt
181	tcatcaaacg	ttcggatgct	cgaactgcac	ctcatgtgca	tgttatggtt	gagctggtag
241	cagaactcga	aggcattcnn	tacggctgta	gtggtgagac	actttggtgc	cttgcacctc
301	atgtgggcga	aataccagtg	gcttaccgca	aggttcttct	tcgtaagaac	ggtaataaag

На локусе MT 263385 выделим 8 секторов с размером каждого сектор в М=360 элементов и представим данные в таблице 2.

Таблица 2. Набор из 8 секторов локуса для анализа

№ Сектор	Сектор - серия строчных номеров в локусе, представленном из 29610 аминокислот
1	1 – 301
2	4501 – 4801
3	7561 – 7861
4	11101 – 11401
5	14101 – 14401
6	20101 – 20401
7	26401 – 26701
8	29101 - 29401

Осуществим набор вычислительных процедур:

- в каждом секторе выделим в качестве информационных индикатрис шесть аминокислот и сформируем суммарный показатель их встречаемости в секторе - b_i , где $i=1,8$
- установим $M= 360$ элементов в секторе и определим значения серии показателей $a_i=M-b_i$;
- проведем вычисление серии показателей L_p для всех 8 секторов по выражению (1). Сводные данные представим в таблице 3.

Таблица 3. Сводные данные информационных показателей по секторам

	Сектора / Аминокислоты	1	2	3	4	5	6	7	8
		Количество индикатрис							
1	метионин								
2	триптофан								
3	аргинин	99							
4	треонин	99	112	119	154	125	124	113	94
5	тирозин								
6	глицин	95	62	70	63	70	65	78	71
	b	293	174	189	217	195	189	191	165
	a	67	186	171	143	165	171	169	195
	L_p	3,667	3,146	3,134	3,151	3,133	3,134	3,133	3,159

Построение фрактального образа коронавируса Cov-19 для локуса МТ 263385 проведем в декартовой системе координат по выражению:

$$\begin{aligned} X(t) &= (a + b * t * \text{COS}(t)) \\ Y(t) &= (a + b * t * \text{SIN}(t)) \end{aligned} \quad (2)$$

Где: $t=(0, 2\pi)$; $m_1 = M/a$; $m_2 = M/b$

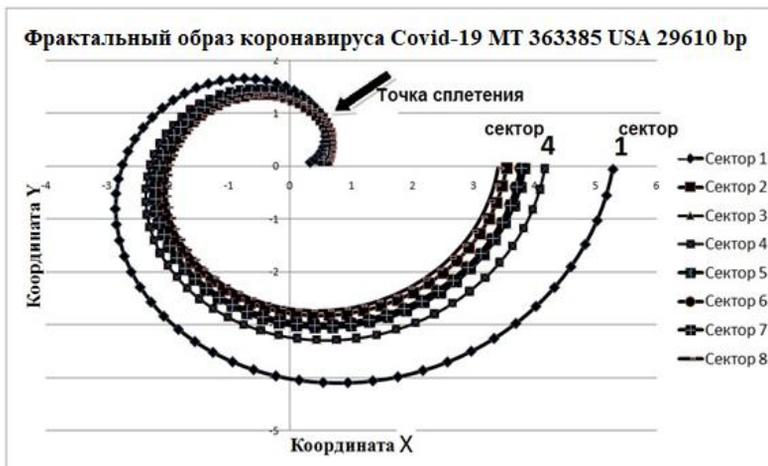


Рис. 1. Многокомпонентный фрактальный образ COVID-19

Представленный на рисунке фрактальный образ обладает сложной точкой ветвления – скрутки секторных элементов генома (обозначено стрелкой), а также имеет хорошо выраженную внешнюю (сектор 1) и внутреннюю оболочку (сектор 4). Обширное распространение вирусных инфекций в социуме представляет серьезную опасность для прогрессивного развития. Принимая во внимание очень малые размеры вируса и высокую скорость изменения наследственной полипептидной цепи, актуализируется проблема оперативного обнаружения штаммов, например, методом секвенирования. Однако получение таким методом набора данных о генотипе вируса лишь актуализирует проблему анализа – разработки стратегических мероприятий, которые реально можно создать, зная наиболее уязвимые для вируса фрагменты генома.

Биологическая термодинамика, оперируя представлениями об эволюционном развитии живой материи, создает хорошие предпосылки для построения вычислительных – фрактальных образов, обеспечивающих проведение анализа генотипа, например, вируса Covid-20. Подобные построения можно осуществить для большого количества штаммов вируса, полученных в разных странах. Фрактальный образ, реализуемый в базе информационной термодинамики, позволяет установить скрытые от инструментального анализа фрагменты генома, денатурализация которых может осуществляться избирательно.

С позиции практической медицины, математические методы анализа генома разных штаммов вирусов являются наилучшей и эффективной стратегией целенаправленной профилактики распространения вирусных инфекций и, что самое главное, обеспечивают здоровое прогрессивное развитие социума на длительное время.

Список литературы / References

1. Banerji A., Ghosh I. Fractal symmetry of protein interior: what have we learned // Cell. Mol. Life Sci, 2011. Vol. 68. P. 2711–2737. DOI: 10.1007/s00018-011-0722-6.
2. Макаров Л.М. Формализм вычисления оценки эмерджентности Наука, техника и образование. 2020. № 1 (65). DOI: 10.24411/2312-8267-2020-10101
3. [Электронный ресурс]. Режим доступа: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/sars-cov-2-seqs/> (дата обращения: 14.04.2020).
4. Макаров Л.М. Информационная энтропия International scientific review of the problems and prospects of modern science and education Collection of scientific articles LXVII International correspondence scientific and practical conference. 2020. DOI: 10.24411/2542-0798-2020-16702.