Yu.I. Senyk, I.Yu. Nayko, T.V. Markova, O.A. Lutsiv, V.Ya Byyak, V.Z. Kurant
Ternopil V. Hnatiuk National Pedagogical University, Ukraine
PVNZ "Bukovina University"

ENERGY-SUPPLY OF GILLS AND LIVER TISSUES OF FISH UNDER THE INFLUENCE OF ZINC AND CADMIUM IONS

The activity of succinate dehydrogenase, cytochrome oxidase and lactate dehydrogenase in gills and liver tissues of carp and pike exposed to 0,5 and 2 of fisheries maximum permissible concentration (MPC) of zinc and cadmium ions were investigated. The effect of subthreshold concentrations of zinc ions leads to the activation of succinate dehydrogenase and cytochrome oxidase and inhibition the lactate dehydrogenase activities of carp and pike tissues. Under the effect of 2 MPC of zinc ions the inhibition the activities of cytochrome c oxidase and lactate dehydrogenase in liver and gills tissues of fish was observed. Under the influence of 0,5 and 2 MPC of cadmium ions the increase of lactate dehydrogenase activity and cytochrome oxidase inhibition of investigated tissues of fish were observed. The succinate dehydrogenase activity in fish tissues increased by subthreshold concentrations of cadmium ions and decreased by exposure to 2 MPC of cadmium ions.

Keywords: carp, pike, liver, gills, cadmium, zinc, succinate dehydrogenase, cytochrome oxidase, lactate dehydrogenase

Рекомендує до друку
В.В. Грубінко

Надійшла 7.08.2012

УДК 571.1

В. В. ЩЕРБИК, Л. П. БУЧАЦЬКИЙ
Київський національний університет ім. Тараса Шевченка
вул. Володимирська, 64, Київ, 01601

СТАЛА ТОНКОЇ СТРУКТУРИ І БУДОВА БІЛКА

Показано, що стала тонкої структури може бути представлена амінокислотами генетичного коду та їх поліпептидним ланцюгом. Числове значення зворотної величини сталої тонкої структури можна виразити через величини протонних зарядів амінокислотних залишків і зворотну величину деякого протонного заряду в різних періодичних базисах остова білка.

Ключові слова: стала тонкої структури, поліпептидний ланцюг, протонний заряд амінокислотного залишку, базис остова білка.

Стала тонкої структури $\alpha = e^2 / \hbar c \approx 1 / 137$ (e – заряд електрона, $\hbar$ – стала Планка, c – швидкість світла) характеризує інтенсивність електромагнітної взаємодії елементарних частинок. У квантовій електродинаміці заряджені частинки взаємодіють завдяки обміну віртуальними фотонами. Стала тонкої структури виникає як безрозмірний параметр, що характеризує інтенсивність цієї взаємодії. Стала тонкої структури – це одна з величин, яку фізики вимірюють з усе зростаючою точністю вже багато десятиліть. Саме вона визначає енергетичні рівні електронів в атомах. Тонка структура цих рівнів з'являється за рахунок електричного тяжіння електронів до ядра і електромагнітної взаємодії між електронами. Найбільш точне значення сталої тонкої структури було отримано в недавніх експериментах по вимірюванню магнітного моменту електрона, проведених групою під керівництвом Джеральда Габріельса [1] з Гарвардського університету. Виміряне ними значення зворотної сталої тонкої структури складає: $1/\alpha = 137{,}035999084 \pm 0{,}000000051$.

Константа α була введена в фізику Зоммерфельдом [2] у 1916 році при створенні теорії тонкої структури рівнів енергії атома водню. Спочатку стала тонкої структури була визначена як відношення швидкості електрона на нижчій борівської орбіті до швидкості світла.

До цих пір природа походження цієї константи і її фізичний зміст не розкриті. Фізики упевнені в тому, що постійна тонкої структури несе в собі щось дуже важливе про навколишній світ. Особливість сталої тонкої структури, а саме, інваріантність до вибору системи одиниць (абстрактність константи α), дозволяє вважати її першим кандидатом на роль істинно фундаментальної константи. Велика кількість дослідників намагалися зрозуміти фізичний зміст цієї константи або висловити її в компактній математичній формі [3 – 12].

Числове значення зворотної сталої тонкої структури, особливо ціла частина 137, є предметом дослідження математиків [13 – 15], які намагаються знайти її теоретико-груповий базис.

Новий напрямок у розумінні фізичного сенсу сталої тонкої структури було запропоновано в роботах [16, 17]. Тут стала тонкої структури визначає прозорість у видимих світлових променях монослоя гексагональної решітки з атомів вуглецю, графена. Вперше стало зрозуміло, що числове значення сталої тонкої структури може не тільки відноситься до квантової електродинаміки, але і визначати фізичні властивості кристалів.

Запропоноване нами представлення сталої тонкої структури амінокислотами генетичного коду грунтується на залежності константи $1/\alpha$ від величин "протонних" зарядів амінокислотних залишків. Відразу підкреслимо, що протонний заряд амінокислотного залишку (радикала) не збігається з числом його протонів.

Будова амінокислот генетичного коду

Кожна з двадцяти амінокислот, що генетично кодуються, складається з остову з α—розташуванням **-COOH** і **-NH_2** груп і амінокислотного радикалу [18]. Кожен радикал будемо описувати структурно-векторним лінійним полем, яке характеризує кількість атомів вуглецю **C**, водню **H**, азоту **N**, кисню **O** і сірки **S**. Основна характеристика структури радикала – кількість протонів або протонний заряд радикала. Приймемо, що радикал амінокислоти є електрично нейтральним і з протонним зарядом завжди будемо асоціювати відповідну кількість електронів.

Визначимо атоми **C**, **H**, **O**, **N**, **S** як базисні вектори протонних зарядів Q_p(**C**) = 6, Q_p(**H**) = 1, Q_p(**O**) = 8, Q_p(**N**) = 7, Q_p(**S**) = 16. Протонний заряд амінокислотного залишку обчислимо як суму протонних зарядів атомів. Імінокислотний залишок проліну є нестандартним, тому його можна визначити після розмикання пірролідінового кільця і виділення остова амінокислот. Ця операція вимагає компенсації. Серед інших амінокислот тільки триптофан містить пірролідинове кільце, тому підходить для зміни своєї структури. Формально можна змінити бензольне кільце: замість групи **CH** підставити групу **CH_2**. Це збільшить протонний заряд триптофану на 4 одиниці. Результатом цих змін є представлення триплетів генетичного коду як елементів алгебри Кліффорда [19] *Cl*(4, 2) з сигнатурою [4+ 2–]. Компенсація самої сигнатури (+2) зводиться до введення відзначеної точки (*) гліцину в характеристику протонного заряду радикала по модулю 4. Відзначена точка гліцину має характер (–1).

В табл. 1 наведена характеристика внутрішнього простору амінокислот генетичного коду і величина сумарного протонного заряду амінокислот і амінокислотних залишків. Модифікована табл. 1 раніше була приведена нами в [20].

Характеристика амінокислот визначається за формулою:

$$\rho(\mathrm{Am}) = \begin{cases} +1, \text{ якщо } Q_p(\mathrm{Am}) \; mod \; 8 = 0 \\ -1, \text{ інакше} \end{cases}$$

В табл. 1 сигнатури амінокислот і їх радикалів збігаються і дорівнюють [12+ 8–].

Безпосередньо перевіряється, що в алгебрі Кліффорда *Cl*(4, 2) можна ввести триплетний базис з 20-и елементів e_{abc}, сигнатура якого також має значення [12+ 8–].

Таблиця 1

Характеристика внутрішнього простору амінокислот

Амінокислота Am		Хімічна формула радикала Amr	Протонний заряд радикала Q_p(Amr)	Q_p(Amr) *mod* 4*	Протонний заряд Q_p(Am)	ρ(Am)
A	Аланін	1C 3H	9	+1	48	+1
C	Цистеін	1C 3H 1S	25	+1	64	+1
D	Аспар. к-та	2C 3H 2O	31	–1	70	–1
E	Глутам. к-та	3C 5H 2O	39	–1	78	–1
F	Фенілаланін	7C 7H	49	+1	88	+1
G	Гліцин	1H	1	–1	40	+1
H	Гістидин	4C 5H 2N	43	–1	82	–1
I	Ізолейцин	4C 9H	33	+1	72	+1
K	Лізин	4C 10H 1N	41	+1	80	+1
L	Лейцин	4C 9H	33	+1	72	+1
M	Метіонін	3C 7H 1S	41	+1	80	+1
N	Аспарагін	2C 4H 1O 1N	31	–1	70	–1
P	Пролін	3C 5H	23	–1	62	–1
Q	Глутамін	3C 6H 1O 1N	39	–1	78	–1
R	Аргінін	4C 10H 3N	55	–1	94	–1
S	Серин	1C 3H 1O	17	+1	56	+1
T	Треонін	2C 5H 1O	25	+1	64	+1
V	Валін	3C 7H	25	+1	64	+1
W	Триптофан	9C 12H 1N	73	+1	108	–1
Y	Тирозин	7C 7H 1O	57	+1	96	+1

Сумарні протонні заряди радикалів амінокислот групуються в 14 інваріантних протонних зарядах: 1, 9, 17, 23, 25, 31, 33, 39, 41, 43, 49, 55, 57, 73 (всі числа протонних зарядів радикалів амінокислот є непарними).

Для інтерпретації зворотної сталої тонкої структури нам знадобиться структура поліпептидного ланцюга. На рис.1 показані 7 базисів остова поліпептидного ланцюга. Кожен базис має протонний заряд, рівний 29. Ці періодичні базиси мають наступну будову:

прямий знакозмінний базис Q_2 = 2**C** 2**H** 1**N** 1**O**;

спряжена пара хвильових базисів Q_1 = 1**C** 1**H** 2**N** 1**O**, Q_3 = 3**C** 3**H** 1**O**;

спряжена пара перших косих базисів Q_0 = 1**C** 1**N** 2**O**, Q_4 = 3**C** 4**H** 1**N**;

спряжена пара других косих базисів $Q_{1,1}$ = 2**C** 1**H** 2**O**, $Q_{3,1}$ = 2**C** 3**H** 2**N**.

Перші індекси в позначеннях Q_0 … Q_4 збігаються з числом атомів водню у відповідному базисі остова амінокислот.

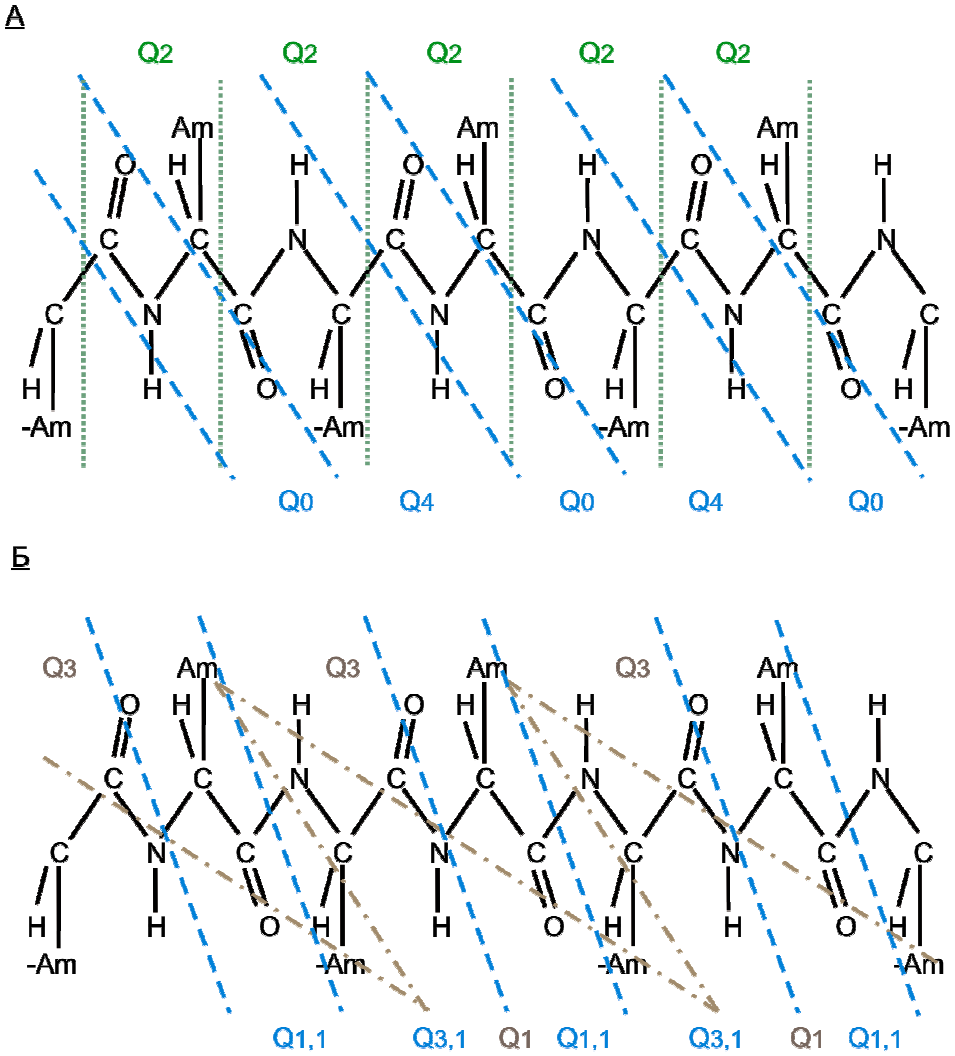


Рис. 1. Структура поліпептидного ланцюга, в якій виділені періодичні базиси остову. Am – радикали амінокислот, підключені знакозмінно до C_α – атому. Ланцюжок **CONH** – площина пептидного зв'язку. **А** – базиси Q_0, Q_2, Q_4. **Б** – базиси Q_1, Q_3, $Q_{1,1}$, $Q_{3,1}$.

Інтерпретація зворотної сталої тонкої структури

Представимо зворотну сталу тонкої структури як суму двох частин:
$1/\alpha = \alpha_0 + \delta\alpha_0$, де $\alpha_0 = 137$ (ціла частина $1/\alpha$); $\delta\alpha_0$ – дробова частина $1/\alpha$.

Далі окремо будемо інтерпретувати цілу і дробову частину числа $1/\alpha$.

Розкладемо α_0 на три складових:

$$\alpha_0 = P(4) + \pi(6) + P(8), \qquad (1)$$

де $P(4) = 21$, $P(8) = 73$ позначає кількість точок скінченої проективної площини 4-го та 8-го порядку; $\pi(6) = 43$ – кількість фіктивних точок **неіснуючої** скінченої проективної площини 6-го порядку.

Точки площини P(4) ототожнимо з радикалами амінокислот генетичного коду разом з термінатором. Величину $\alpha_0 - P(4) = 116$ визначимо як інваріант перетворення протонного заряду радикалів амінокислот. Зауважимо, що $116 = 4\times29$.

На рис. 2 показаний граф зв'язків між радикалами амінокислот генетичного коду з урахуванням термінатора. Функція $г^{-1}_1$– визначає зворотну передачу твірного кореня $\varphi(1) = 1$ від термінатора **Θ**(0) до гліцину **G**(1).

Інваріантність величини $\alpha_0 - P(4)$ визначає тотожність

$$\mathbf{W}(73) + \mathbf{H}(43) + \mathbf{\Theta}(0) = \mathbf{A}(9) + \mathbf{Y}(57) + \mathbf{F}(49) + \mathbf{G}(1).$$

Визначаючи амінокислотні залишки через структурно-векторне поле, отримаємо:

$$13\mathbf{C}\ \ 17\mathbf{H}\ \ 3\mathbf{N} + \mathbf{\Theta}(0) = 15\mathbf{C}\ \ 17\mathbf{H}\ \ 1\mathbf{O} + \mathbf{G}(1),$$

і остаточну тотожність

$$3\mathbf{N} + \mathbf{\Theta}(0) = 2\mathbf{C}\ + 1\mathbf{O} + \mathbf{G}(1), \qquad (2)$$

в якому виділені функції термінатора і гліцину.

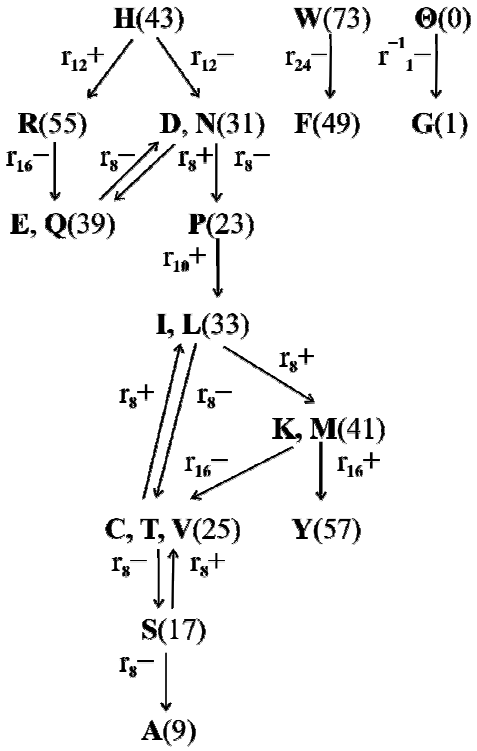


Рис. 2. Граф зв'язків між радикалами амінокислот генетичного коду.

$r_g \pm$ – кількість твірних коренів протонного заряду радикала амінокислот: g = φ(φ(Q_p(Amr)); φ – числова функція Ейлера. Знак + або – відповідає збільшенню або зменшенню протонного заряду радикала амінокислоти при передачі твірних коренів. Стрілка показує напрямок передачі твірних коренів. **Θ**(0) – термінатор, протонний заряд якого дорівнює нулю.

Зрозуміло, що в тотожності (2) зберігається кількість протонів (протонний заряд). Припустимо, що зберігається і баріонний заряд. Виділимо в атомних ядрах **N**, **C**, **O**, **G**(1) нейтронну складову; залежність термінатора від нейтронів **Θ**(*n*) поки залишимо невизначеною. Одержимо рівняння для функції **Θ**(*n*):

$$n + \mathbf{\Theta}(n) = n(\mathbf{G}),$$

де $n(\mathbf{G}) = 0, 1, 2$ – число нейтронів в ізотопі атома водню.

Функція термінатора **Θ**(*n*) має три значення:

$$\Theta(n) = \begin{cases} \text{антинейтрон, якщо } n(\mathbf{G}) = 0; \\ 0 \text{ (немає тришлета мРНК), якщо } n(\mathbf{G}) = 1; \\ \text{нейтрон, якщо } n(\mathbf{G}) = 2. \end{cases}$$

Крім гліцину, можна розглянути ізотопи атома водню в амінокислотних залишках **A**(9), **F**(49), **Y**(57).

Враховуючи малу поширеність дейтерію і тритію, можна стверджувати, що в переважній більшості випадків термінатор еквівалентний антинейтрону. Цю еквівалентність ми розуміємо так: образ термінатора (розпад системи, що складається з малої і великої субчастинок

рибосоми та мРНК) визначається фізичним процесом розпаду антинейтрона на три частинки: $\tilde{n} \rightarrow p^- + e^+ + \nu_e$.

Добре відома теорія коеволюції амінокислот генетичного коду [21]. Граф зв'язків між радикалами амінокислот, представлений на рис. 2, не збігається з метаболічними шляхами перетворення амінокислот. Тим не менше, ці формальні зв'язки показують, що амінокислоти пройшли досить складний шлях еволюційних перетворень.

Далі розглянемо дробову частину $1/\alpha$. Для інтерпретації величини $\delta\alpha_0$ зауважимо, що значення 1/29 = 0.0344 мало відрізняється від експериментального значення. Тому можна припустити, що $\delta\alpha_0$ можна обчислити на основі розкладання в ряд по зворотним степеням деякого протонного заряду періодичного базису остова поліпептидного ланцюга.

Загальна формула розкладання $\delta\alpha_0$ в базисі Q_i має вигляд:

$$\delta\alpha_0 = \sum_n -(-1)^n \lambda_n(Q_i)/q_i^n,$$

де λ_n – коефіцієнти розкладу;

q_i – протонний заряд розкладання в базисі Q_i;

$n = 1, 2\ldots n_{max}$ – степень розкладу; n_{max} дорівнює кількості атомів водню в базисі Q_i.

Для періодичних базисів остова поліпептидного ланцюга заряд q_i можна визначити як протонний заряд 29 за вирахуванням кількості атомів водню, які входять до складу базису остова. Але в базисі Q_4 присутні пари C_α – атомів, тому число членів розкладання для базису Q_4 дорівнює 2. В базисі Q_0 немає розкладання $\delta\alpha_0$. В базисі $Q_{1,1}$ два члени розкладання, оскільки цей базис може мати дві конфігурації, взаємно повернені.

Маємо: $q_0 = 29$, $q_1 = 28$, $q_2 = 27$, $q_3 = 26$, $q_4 = 25$, $q_{1,1} = 28$, $q_{3,1} = -26$. В базисі $Q_{3,1}$ для заряду $q_{3,1}$ обраний від'ємний знак, щоб виконати тотожність:

$$q_0 + q_1 + q_2 + q_3 + q_4 + q_{1,1} + q_{3,1} = 137.$$

На основі експериментального значення константи α можна обчислити коефіцієнти розкладання в базисах $Q_1 \ldots Q_4$ і переконатися, що вони близькі до одиниці.

Обчислимо коефіцієнти розкладання в базисах $Q_1 \ldots Q_4$, вважаючи, що тільки коефіцієнт $\lambda_1(Q_i)$ не дорівнює одиниці (табл. 2). Коефіцієнт $\lambda_1(Q_0) = 0$, коефіцієнт $\lambda_1(Q_{3,1})$ має від'ємне значення.

Таблиця 2

Формула розкладання $\delta\alpha_0$ в різних базисах остова білка

Базис остова білка Q_i	Коефіцієнт $\lambda_1(Q_i)$	Формула розкладання $\delta\alpha_0$
Q_1	1.007974	$\lambda_1(Q_1)/28$
Q_2	1.009012	$\lambda_1(Q_2)/27 - 1/27^2$
Q_3	0.972958	$\lambda_1(Q_3)/26 - 1/26^2 + 1/26^3$
Q_4	0.939977	$\lambda_1(Q_4)/25 - 1/25^2$
$Q_{1,1}$	1.043689	$\lambda_1(Q_{1,1})/28 - 1/28^2$
$Q_{3,1}$	– 0.975917	$-\lambda_1(Q_{3,1})/26 - 1/26^2 - 1/26^3$
$\sum_i \lambda_1(Q_i) = 3.997693$		

З табл.3 випливає, що з високою точністю виконується співвідношення:

$$\lambda_1(Q_1) + \lambda_1(Q_2) + \lambda_1(Q_3) + \lambda_1(Q_4) + \lambda_1(Q_{1,1}) + \lambda_1(Q_{3,1}) = 4.$$

Висновки

Вперше показано, що стала тонкої структури тісно пов'язана з будовою амінокислот генетичного коду. Ціла частина зворотної сталої тонкої структури пов'язана як з амінокислотними радикалами, так і з остовом поліпептидного ланцюга. Дробова частина зворотної сталої тонкої структури визначається тільки остовом поліпептидного ланцюга.

1. *Hanneke D.* New Measurement of the Electron Magnetic Moment and the Fine Structure Constant / D. Hanneke, S. Fogwell and G. Gabrielse // Phys. Rev. Lett. – 2008. – Vol. 100, 120801.
2. *Sommerfeld A.* Zur Quantentheorie der Spektrallinien / A. Sommerfeld // Ann. Phys., Lpz. – 1916. – Vol. 51 – P.1–94.

3. *Dirac P. A. M.* Quantised Singularities in Electromagnetic Field / P. A. M. Dirac // Proc. R. Soc. (London) –1931. – Vol. A133. – P. 60–72.
4. *Eddington A. S.* Fundamental Theory / A. S. Eddington – Cambridge: Cambridge University Press, 1946. – 292 p.
5. *Das A.* A class of Eigenvalues of the Fine-Structure Constant and Internal Energy Obtained from a Class of Exact Solutions of the Combined Klein-Gordon- Maxwell-Einstein Field Equations / A. Das and C. V. Coffman // J. Math. Phys. – 1967. – Vol. 8, № 9. – P. 1720–1735.
6. *Boyer T. H.* Quantum Electromagnetic Zero-Point Energy of a Conducting Spherical Shell and the Casimir Model for a Charged Particles / T. H. Boyer // Phys. Rev. – 1968. – Vol. 174, № 5. – P. 1764–1776.
7. *Kinoshita T.* The fine structure constant / T. Kinoshita // Rep. Prog. Phys. – 1969. – V.59. – P.1459-1492.
8. *Wyler A.* L'espace symétrique du groupe des équations de Maxwell / A.Wyler // C. R. Acad. Sc. Paris – 1969. – Vol. 269 – P. 743–745.
9. *Wyler A.* Les groupes des potentiels de Coulomb et de Yukava / A.Wyler // C. R. Acad. Sc. Paris – 1971. – Vol. 271 – P. 186–188.
10. *Morris T. F.* Does the fine-structure constant have a dynamic origin / T. F. Morris // Phys. Lett. B. – 1980. – Vol. 93, № 4. – P. 440–442.
11. *Chew G. F.* Zero-Entropy Bootstrap and the Fine-Structure Constant / G. F. Chew // Phys. Rev. Lett. – 1981. – Vol. 47, № 11. – P. 764–767.
12. *Davies P. C. W.* Constraints on the Value of the Fine Structure Constant from Gravitational Thermodynamics / P. C. W. Davies // Int. J. Theor. Phys. – 2008. – Vol. 47, № 7. – P. 1949–1953.
13. *Schönfeld E.* Electron and fine structure constant II / E. Schönfeld, P. Wilde // Metrologia – 2008. – Vol. 45, № 3. – P. 342-355.
14. *Ross D. K.* An Estimation of the Fine Structure Constant Using Fiber Bundles / D. K. Ross // Int. J. Theor. Phys. – 1986. – Vol. 25, № 1. – P. 1–6.
15. *Castro C.* On Geometric Probability, Holography, Shilov Boundaries and the Four Physical Coupling Constants of Nature / C. Castro // Progress in Physics – 2005. – Vol. 2. – P. 63-69.
16. *Castro C.* On the coupling constants, geometric probability and complex domain / C. Castro // Progress in Physics – 2006. – Vol. 2. – P. 46–53.
17. *Marek-Crnjac L.* Lie groups hierarhy in connection with the derivation of the inverse electromagnetic fine structure constant from the number of particle-like states 548, 576 and 672 / L. Marek-Crnjac // Chaos, Solitons & Fractals – 2008. – Vol. 37 – P. 332–336.
18. *Marek-Crnjac L.* The fundamental coupling constants of physics in connection with the Dimension of the special orthogonal and unitary groups / L. Marek-Crnjac // Chaos, Solitons & Fractals – 2007. – Vol. 34 – P. 1382–1386.
19. *Nair R. R.* Universal Dynamic Conductivity and Quantized Visible Opacity of Suspended Graphene / R. R. Nair, P. Blake, A. N. Grigorenko, K. S. Novoselov, T. J. Booth, T. Stauber, N. M. R. Peres, A. K. Geim // arXiv: 0803.3718 – March 2008. – P. 1–5.
20. *Nair R. R.* Fine Structure Constant Defines Visual Transparency of Graphene / R. R. Nair, P. Blake, A. N. Grigorenko, K. S. Novoselov, T. J. Booth, T. Stauber, N. M. R. Peres, A. K. Geim // Science – 2008. – Vol. 320, № 5881. – P. 1308.
21. *Сингер М.* Гены и геномы / М. Сингер, П. Берг – Москва: Мир, 1998. – Т. 1.– 374с.
22. *Широков Д. С.* Алгебры Клиффорда и спиноры / Д. С. Широков – 2011. – Режим доступу: www.mi.ras.ru/noc/11_12 /cllifalg10.12.11.pdf
23. *Щербик В. В.* Трьохкомпонентне векторне поле в молекулі білка / В. В. Щербик, Л. П. Бучацький // Наук. зап. Терноп. нац. пед. ун-ту. Сер. Біол. – 2010. – №1 (42) – С. 130 – 142.
24. *Wong J. T. F.* A Co-Evolution Theory of the Genetic Code / J. T. F. Wong // Proc. Nat. Acad. Sci. USA – 1975. – Vol. 72 – P. 1909–1912.
25. *Wong J. T. F.* Coevolution of genetic code and amino acid biosynthesis / J. T. F. Wong // Trends Biochem.Sci. – 1981. – Vol. 6. – P. 33–35.
26. *Wong J. T. F.* Question 6: Coevolution Theory of the Genetic Code: A Proven Theory / J. T. F. Wong // Origins of Life and Evolution of Biospheres – 2007. – Vol. 37. – P. 403–408.

В. В. Щербик, Л. П. Бучацкий
Киевский национальный университет им. Тараса Шевченко, Украина

ПОСТОЯННАЯ ТОНКОЙ СТРУКТУРЫ И СТРОЕНИЕ БЕЛКА

Показано, что постоянная тонкой структуры может быть представлена аминокислотами генетического кода и их полипептидной цепью. Числовое значение обратной величины постоянная тонкой структуры можно выразить через величины протонных зарядов аминокислотных радикалов и обратную величину некоторого протонного заряда в различных периодических базисах остова белка.

Ключевые слова: постоянная тонкой структуры, полипептидная цепь, протонный заряд аминокислотного остатка, базис остова белка

V. V. Stcherbic, L. P. Buchatsky
Kyiv National Taras Shevchenko University, Ukraine

THE FINE STRUCTURE CONSTANT AND STRUCTURE OF PROTEIN

The inverse fine structure constant (the constant $1/\alpha$) is represented by amino acids of the genetic code and the polypeptide chain. We obtained graph of bonds between amino acid residues, which expresses the conservation of the proton charge of amino acids. Structure of the amino acid proline and tryptophan modified under the assumption that they contain information about the signature of the Clifford algebra $Cl(4, 2)$, which consists of 64 elements and has a triplet basis of the 20 elements. The numeric value of the constant $1/\alpha$ is divided into two parts – the whole and fraction. The whole part of the constant $1/\alpha$ is expressed in terms of the number of amino acids (20), as well as through the amino acid histidine, tryptophan, alanine, glycine, phenylalanine and tyrosine. The fractional part of the constant $1/\alpha$ represented by an expansion in a series in inverse powers of a proton charge in each of the six circular basis.

Key words: the fine structure constant, the polypeptide chain, proton charge of amino acid residue, the basis of protein skeleton

Рекомендує до друку
О.Б. Столяр

Надійшла 15.06.2011