

НАУКИ О ЧЕЛОВЕКЕ

С.Т. Золян, Р.И. Жданов

Геном как информационно-семиотический феномен*

Золян Сурен Тигранович – доктор филологических наук, профессор. Институт гуманитарных наук Балтийского федерального университета имени Иммануила Канта. Российская Федерация, 236016, г. Калининград, ул. **Александра Невского, д. 12**; **ведущий научный сотрудник. Институт философии, социологии и права Национальной академии наук Армении.** Армения, 375010, г. Ереван, ул. Арами, д. 44; исполнитель проекта. Институт научной информации по общественным наукам РАН. Российская Федерация, 117997, г. Москва, ул. Нахимовский проспект, д. 51/21; e-mail: surenzolyan@gmail.com

Жданов Ренад Ибрагимович – доктор химических наук, профессор, главный научный сотрудник. Институт перспективных исследований Московского педагогического государственного университета. Российская Федерация, 119991, г. Москва, ул. М. Пироговская, д. 1/1; профессор. Институт фундаментальной медицины и биологии Казанского федерального университета. Российская Федерация, 420008, г. Казань, ул. Кремлевская, д. 18; e-mail: zrenad@gmail.com

В статье рассматриваются возможности лингвистического (семиотического) описания генетического кода. Молекулярную генетику принято определять как отрасль биологии, которая исследует на молекулярном уровне модели и механизмы создания, обработки, передачи и хранения информации. Сходство между языком и обработкой генетической информации интуитивно было осознано с момента создания генетики, многими исследователями отмечалось, что ген и геном могут быть рассмотрены как текст или язык. Если биомолекулярные процессы являются особым типом информационных, то они должны обладать наиболее важными характеристиками, общими для всех форм коммуникации. В качестве такой общей основы авторы указывают на текстовую организацию сигналов. Демонстрируется, что идея текстовой структурированности генетической информации может стать полезным инструментом при объяснении ее основных функциональных характеристик и механизмов. Разграничение между биохимической субстанцией и семиотической формой позволяет различать и описывать отношения, которые характерны не столько для биологических, сколько для знаковых систем (дихотомия языка и речи, произвольность знака, контекстная зависимость, полисемия и синонимия, синхрония и диахрония). В частности, принцип контекстной зависимости позволяет описывать случаи, когда одна и та же биохимическая последовательность нуклеотидов в зависимости от их местоположения приобретает различное значение и выполняет различные функции. Тем самым можно выделить некоторые существенные характеристики экспрессии генов, общие с чтением человека: способность идентифицировать биохимические последовательности, основанные на их функции в абстрактной системе, и различать тип и его контекстуально зависимые варианты. Таким образом,

* Исследование выполнено при поддержке гранта Российского научного фонда. Проект № 17-18-01536 «Трансфер знаний и конвергенция методологических традиций».

обработка генетической информации может рассматриваться как некоторые операции по написанию, чтению и редактированию текста. Это позволяет описать генетическую информацию как двойственный – биохимический и семиотический – феном и в качестве дополнения к существующим биохимическим методам использовать также и семиотический аппарат. Семиотико-информационный подход к геному позволяет найти новые формы упорядочения генетической информации и предложить системное объяснение ряда явлений, ранее рассматриваемых как отклонения.

Ключевые слова: генетическая информация, генетический код, геном, семиотика

Геном – лингво-информационный подход

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, таких, как, например, «язык, посредством которого Бог создал жизнь» – выражение, употребленное Б. Клинтонем при торжественной церемонии подведения итогов проекта «Геном человека» в 2000 г. и впоследствии ставшее заглавием популярной книги руководителя этого проекта Ф. Колинза¹. Уже само открытие генетического кода его первооткрыватель Ф. Крик описывал как процесс перевода с одного языка на другой². К подобным аналогиям он прибегал как в популярных³, так и в академических публикациях⁴. Безусловно, сам ключевой термин «genetic translation» (генетическая трансляция) вполне мог быть передан на русский язык путем перевода, но разработчики терминологии и в этом случае предпочли путь транслитерации, при котором затемняется отсылающая к семиотическим процессам внутренняя форма термина⁵ (ср. с такими терминами, как «транскрипт», «эдитинг»,

¹ См. несколько ироничный обзор использования этой метафоры в: [Weigmann 2004].

² Вяч.Вс. Иванов справедливо считает, что использование принципов семиотического анализа даже предшествовало фундаментальному открытию кода ДНК: «В середине XX века 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, с. 31–52]. В самом деле, Г. Гамов применительно к генетическому коду применяет термин «translation», понимаемый именно в семиотическом смысле – как преобразование чисел («a long number written in a four-digital system» – «длинное число, записанное в четырехзначной системе») в «слова» («long “words” based on a 20-letter alphabet» – «длинное “слово” на основе алфавита из 20 букв»). «Возникает, – пишет Гамов, – вопрос: каким образом эти четырехзначные номера могут быть переведены в подобные “слова”» [Gamow, 1954, p. 318]. См. также [Marais, Kull, 2016].

³ Ср.: «Одно из важнейших биологических открытий шестидесятых годов заключалось в обнаружении генетического кода, малого словаря (в принципе похожего на азбуку Морзе), который переводит язык генетического материала, состоящий из четырех букв, на язык белка, исполнительный язык, состоящий из двадцати букв... Генетический код – это небольшой словарь, который устанавливает связь между языком нуклеиновых кислот из четырех букв и языком белков из двадцати букв» [Crick, 1981, p. 46; 171].

⁴ «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, p. 9].

⁵ Заметим, что в русском переводе, следуя уже устоявшейся в генетике традиции, возникает «раздвоение» английского «translation» и «translated». Переводчик Ф. Крика предпочел использовать разнокоренную пару: «Процесс синтеза белка с использованием фраг-

«экспрессия» и др.). Но даже при использовании «незатемненных» терминов, таких, как «код», «информация», «язык», «словарь», «алфавит», «семантика», «транскрипция», «чтение», «полисемия», и т. п., обычно игнорировалось их собственно семиотическое или лингвистическое содержание, направленное на описание тех или иных информационных процессов и механизмов. Вероятно, это объясняется тем, что данные процессы описываются как биохимические реакции, и семиотические аналогии генетикам и биохимикам представляются неуместными. Об этом с иронией писал еще Ф. Жакоб, первооткрыватель информационной РНК и собеседник выдающегося лингвиста Р. Якобсона по программам французского телевидения: «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, 1990, с. 139].

То же явление было отмечено и одним из пионеров российской биосемиотики А.Е. Седовым: «Генетикам не до методологической рефлексии – так они поглощены анализом структур функций самих генов и генных систем» [Седов, 2000, с. 526]. Между тем возможная экспликация функционально-смыслового потенциала понятий семиотики и теории коммуникации может существенно дополнить наше понимание происходящих биомолекулярных процессов, и уже само по себе использование лингвистических понятий, пусть даже и в метафорической форме, в теоретической генетике принесло зримые плоды. Так, имея в виду само понятие кода, Ф. Жакоб отмечал: «...Если лингвистическая модель доказала свою исключительную ценность при молекулярном анализе наследственности, то это, возможно, потому, что она в равной степени применима как к структуре, так и к функциям генетической материи. Нечасто модель, навязанная концепциями своего времени, находила столь точное применение» [Жакоб, 1990, с. 140].

Разумеется, речь идет не о решении генетических проблем методами семиотики и лингвистики, а именно о моделировании (о том, что «понимание одной из систем может помочь в анализе другой» [Жакоб, 1990, с. 140]). Однако следует заметить, что Ф. Жакоб выражал скорее свое видение, нежели констатировал имеющееся положение дел, – лишь при очень большом желании можно разглядеть в генетике результаты применения лингвистической методологии, а не простого уподобления генетического кода языковым структурам.

Подобные попытки предпринимались неоднократно, начиная с 1960-х гг. Еще полвека назад синтез семиотики и биологии привел к рождению новой дисциплины – биосемиотики. Сам термин появляется в 1962 г. у Ф. Ротшильда [Rotshild, 1962]; независимо от него в отечественной науке был введен в [Степанов, 1971] и биогерменевтике С.Е. Чебановым [Chebanov, 1999] (см. также

мента 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 белка из двадцати букв (курсив наш. – С.З., Р.Ж.)» [Крик, 2002, с. 76]. Принятый в русском термин «трансляция» акцентирует процесс переноса носителей генетической информации из одного участка РНК в другой, но при этом терется сохраняющееся в английском обозначение процесса преобразования единиц одного языка в единицы другого.

[Kull, Emmeche, Hoffmeyer, 2011, p. 12]). Параллельно с биосемиотикой и биогерменевтикой и частично совпадая, с ними развивается биоинформатика, а в последнее время также и биолингвистика [Augustyn, 2013], биосемантика и даже «протеиновая лингвистика» [Gimona, 2008]. Существующая литература по биосемиотике уже практически необозрима, поэтому ограничимся указанием на относительно недавно вышедшие в свет коллективные монографии [Towards a Semiotic Biology, 2011] и [Biosemiotic Perspectives, 2015], где адекватно представлены ее история и нынешнее состояние.

Имеет смысл особо остановиться на оформлении лингво-семиотического подхода в самой генетике, который трактуется как необходимое дополнение ее собственного методологического арсенала, а не как переформулировка уже известного в иных терминах или моделях. Семиотический подход к генетической информации и рассмотрение ее как текстов лег в основу, к сожалению, не доведенных в этом отношении до своего логического завершения перспективных системных исследований профессора В.А. Ратнера и его группы в Новосибирске. Его пионерские идеи о процессах управления генетической информацией [Ратнер, 1965] в дальнейшем закономерно приводят к рассмотрению генов как лингво-информационных объектов и, соответственно, поискам механизмов их семиотического структурирования и выработке методов «информационно-лингвистического подхода»:

Гены представляют собой не зачатки биологических структур, а напоминают линейные тексты (участки ДНК), записанные при помощи некоторых правил и несущие генетическую информацию о молекулярных структурах и функциях... При этом во всех случаях и гены, и некодирующие участки – сегменты молекул ДНК, т. е. построены из того же алфавита четырех нуклеотидов. Поэтому различия между такими текстами не в их физической природе, а исключительно – в последовательностях символов-мономеров. В этом ключ информационно-лингвистического подхода. Значит, гены – не физические, а информационные единицы наследственности [Ратнер, 2000].

Подобный подход отчасти нашел воплощение при создании таких дисциплин, как биосемиотика и биоинформатика, однако в целом оказался явно на периферии. На наш взгляд, это было связано с тем, что общие принципы семиотического описания применительно к генетической организации оказались в должной мере непроясненными, почему и подменялись описанием биохимических процессов. Кроме того, аналогии с языком за редкими исключениями носили поверхностный характер, ограничивались заимствованием терминологии, но не опирались на методы и результаты лингвистики и семиотики. Поэтому считаем необходимым рассмотреть прежде всего общую основу, роднящую генетические и информационные процессы.

Экспрессия генов как информационный процесс: общие характеристики

Молекулярную генетику принято определять как раздел биологии, изучающий на молекулярном уровне закономерности и механизмы хранения, передачи, реализации и изменения генетической информации. Уже само это хресто-

матийное определение выявляет глубинное тождество между молекулярными процессами, происходящими в генетике, и теми, которые связаны с созданием, хранением и передачей информации во всех остальных сферах. Но даже если оставить подобную экспликацию на будущее, очевидно, что она будет куда более эффективной, если попытаться прежде всего уяснить, как проявляется в молекулярной генетике эта общая основа, роднящая ее со всеми иными информационными процессами и системами. Именно такое понимание было заложено в сам термин «биоинформатика» его создателями [Hogeweg, 2011], хотя в настоящее время биоинформатика понимается скорее как дисциплина, сосредоточенная на компьютерном моделировании и обработке данных.

Между тем, если исходить из того, что биомолекулярные процессы есть особый тип информационных процессов, нужно признать за ними наиболее существенные характеристики, общие для всех видов коммуникации. Первым необходимым для осуществления коммуникации свойством можно считать *организации сигналов в тексты*. При коммуникации имеет место определенное структурирование информации на основе некоторых функционально-смысловых характеристик, начальные единицы образуют значимые конфигурации, композиция которых формирует текст. Информативная единица коммуникации, будь то социальная или биологическая, – не отдельный сигнал, а некоторая целостная структура, текст. С точки зрения качественных смысловых характеристик информации именно текст выступает формой ее организации (в отличие от теории информации К. Шеннона, основанной на чисто количественных характеристиках).

Уподобление генетической информации словам и тексту встречается еще у первооткрывателя ДНК Фридриха Мишера [Trifonov, 2000, p. 5], а достаточно эксплицитно выражено, по крайней мере, в ставшей классической нобелевской статье Ф. Крика и М. Ниренберга [Крик, Ниренберг, 1964]. Однако текст при этом понимался либо метафорически, либо предельно узко: не как языковая структура высшего уровня, а как некоторая графическая последовательность символов⁶. Подобные попытки, начиная с 1990-х гг., постепенно сошли на нет ввиду их малоинформативности. Однако это не свидетельствует против «текстуальности» генома, а доказывает, что необходимы более тонкие и, главное, методологически более продуманные методы, учитывающие, что текст – это не графическое или даже синтаксическое, а семантическое и функциональное единство. Подобный подход достаточно хорошо разработан в лингвистике и поэтике, поэтому вполне достижимым представляется синтез методов, выработанных в этих дисциплинах, и описаний, направленных на выявление коммуникативных смысловых и функциональных аспектов организации генома, что вряд ли возможно, если сосредоточиться исключительно на фиксации его биохимической субстанции.

Второе необходимое для осуществления коммуникации свойство – *волновая природа канала передачи сигналов*. Дистантная передача сигнала требует определенной среды, канала, что, в свою очередь, обуславливает волновой характер распространения сигналов – будь то обычная звучащая речь или ее передача посредством световых, электромагнитных и любых других

⁶ Ср.: [Соловьев, Кель, Рогозин, Колчанов, 1988; Ратнер, 1993]. Обзор подобных исследований дан нами в [Золян, Жданов, 2016].

сигналов. Иной, не-дистантный способ передачи информации, по крайней мере, на нынешний день, неизвестен. Рассуждая чисто умозрительно, логично предположить, что должны существовать определенные текстоподобные семиотические (лингвистические) и волновые механизмы структурирования процессов, связанных с генетической информацией. В пользу наличия некоторых неизвестных механизмов обработки генетической информации говорит возможность дистантного опознавания, «сканирования» достаточно длинных последовательностей и учета отдаленных контекстов⁷. В этих случаях трудно усмотреть биохимическое взаимодействие и соответствующий способ передачи информации.

Следует упомянуть также об экспериментальных данных, свидетельствующих о волновых механизмах взаимодействия. Среди них: выявленные еще в 1923 г. А.Г. Гурвичем митогенетические лучи – ультрафиолетовые лучи, продуцируемые самим организмом и вызывающие в нем деление клеток и, кроме того, влияющие на процессы белкового синтеза [Гурвич А., Гурвич Л., 1948; Владимирский, Чуян, 2008], а также данные о различных формах дистантного взаимодействия между бактериями [Николаев, 1992; Николаев, 2000].

Семиотические характеристики генетического кода

В подтверждение справедливости предложенного В.А. Ратнером информационно-лингвистического подхода укажем на три ключевых признака организации генетической информации, которые являются фундаментальными характеристиками семиотических систем, но крайне необычны для биохимических объектов.

Первый признак – наличие различных кодов: помимо канонического, характерного для эукариот (т. е. обладающих ядром клеток), существуют несколько отличные коды у прокариот (т. е. безъядерных клеток) и происшедших от них митохондрий. Так, генетика человека определяется двумя несовпадающими кодами – каноническим и митохондриальным [Barrell, Bankier, Drouin, 1979]. В этих кодах триптофан и метионин кодируются различно. Еще больше различий можно наблюдать в генетических кодах организмов, принадлежащих к различным доменам⁸. Кроме того, изменялись сами принципы кодирования. Так, существующий триплетный код происходит из более древнего дублетно-

⁷ Ср.: «Считывание мРНК в пределах одного цистрона не всегда является непрерывным. Первоначально считалось, что последовательность нуклеотидов в мРНК всегда читается непрерывно от иницирующего до терминирующего кодона. Однако оказалось, что при трансляции мРНК гена 60 фага T4 последовательность значительной длины может пропускаться. При этом рибосома совершает как бы прыжок по мРНК с одного глицинового кодона GGA, находящегося перед терминирующим кодоном UAG, на другой глициновый кодон GGA, который отстоит от первого на 50 нуклеотидов. Механизм этого явления пока не очень ясен» [Овчинников, 1998, с. 14]. См. также приводимые в следующем разделе данные о кодировании старт-кодона, пирролизина и селеноцистеина.

⁸ Ср.: «...у 16 типов организмов генетический код отличается от канонического. Например многие виды зеленых водорослей *Acetabularia* транслируют стандартные стоп-кодоны UAG и UAA в аминокислоту глицин. Представители почти всех трех доменов живых организмов иногда прочитывают стандартный стоп-кодон UGA как 21-ю аминокислоту селеноцистеин, не относящуюся к 20 стандартным. Селеноцистеин образуется при химической модифика-

го, когда те же аминокислоты кодировались не тремя, а двумя нуклеотидами [Copley, Smith, Morowitz, 2005]. Как видим, связь между кодоном (кодирующей аминокислоту тройкой нуклеотидов) и аминокислотой напоминает связь между означающим и означаемым – она не является детерминированной, а может изменяться как в диахронии, так и в синхронии. Принцип произвольности знака – безусловно, семиотическая характеристика, и производными от нее являются столь необычные для биохимии явления, как омонимия (полисемия, многозначность) и синонимия⁹ (избыточность) генетического кода: когда один и тот же кодон соотносится с различными аминокислотами или нонсенсами либо же одна и та же аминокислота кодируется различными кодонами.

Второй признак определим как противопоставление языка и речи. Генетический код обнаруживает такие фундаментальные свойства, которые не характерны для формальных языков, но присущи естественным, а именно дуализм абстрактной системы и ее реализации – аналог дихотомии языка и речи, формы и субстанции. Между тем еще до открытия генетического кода Э. Шредингер указал на недостаточность «узкого» понимания кода: «Но термин шифровальный код, конечно, слишком узок... Они [хромосомные структуры. – С. З., Р. Ж.] являются и кодексом законов, и исполнительной властью или, употребляя другое сравнение, они являются одновременно и архитектором, и строителем» [Шредингер, 2002, с. 28].

Сам Шредингер связывал механизмы наследственности с хромосомами, что в дальнейшем оказалось неверным. Тем не менее последующие открытия подтвердили правильность его идеи о функциональной разнородности процесса передачи генетической информации. Так, функции «законодателя» и «исполнителя», или «архитектора» и «строителя», отведены различным механизмам: в ДНК хранится информация (схема), которая затем дублируется в информационной РНК и на основании которой в транспортной РНК происходит распознавание аминокислот, благодаря чему и осуществляется синтез белка. Как видим, в клетке разграничение между языком и речью оказывается не только актуальным, но и материализованным в различных биохимических структурах и локализованным на разных цепях. Примечательно, что хронологически РНК предшествует ДНК, однако в процессе синтеза исходной цепью оказывается ДНК, что также повторяет соотношение между языком и речью: в диахронии речь предшествует языку, в синхронии язык предшествует речи (подробнее см. в [Золян, 2016]).

Третий признак организации генетической информации, являющийся одновременно фундаментальной характеристикой семиотических систем, – это не встречающееся более нигде в природе явление контекстной зависимости. Один и тот же набор нуклеотидов в зависимости от контекста меняет значение (кодирует различные аминокислоты), а различные нуклеотиды в различных позициях кодируют одну и ту же аминокислоту. Эта особенность генетического кода, сближающая его с естественными языками, была пронизательно отмечена еще

ции серина на стадии, когда последний еще не отсоединился от тРНК в составе рибосомы. Аналогично у представителей двух доменов (архебактерий и бактерий) стоп-кодон UAG прочитывается как 22-я аминокислота пирролизин» [Фрилэнд, Херст, 2004, с. 61].

⁹ О связи между этими характеристиками лингвистического знака см. классическую работу [Карцевский, 1965].

выдающимся лингвистом Р. Якобсоном [Jakobson, 1970]. Так, не биохимическая субстанция, а семиотическая функция оказывается определяющей для всех этапов экспрессии генов (актуализации записанной в ДНК генетической информации путем ее транскрипции и трансляции в РНК). Свидетельством тому выступает уже сама возможность замены тимина в триплетах ДНК на урацил в кодонах/антикодонах РНК без какого-либо воздействия на их функциональные характеристики. Далее, при передаче информации с одной цепи на другую как в РНК, так и в ДНК кодон и его зеркальный антипод антикодон неоднократно заменяются друг на друга при том, что их биохимический состав может быть полностью отличным. Например, метионин на различных цепях кодируется следующими тройками нуклеотидов: ATG (нетранскрибируемая цепь ДНК) – TAC (транскрибируемая цепь ДНК) – AUG (кодон информационной РНК) – UAC (антикодон транспортной РНК)¹⁰. Однако при варьировании означающего сохраняется тождество означаемого (кодируемой аминокислоты). Все эти различающиеся тройки выступают как позиционные варианты одного и того же знака (подробнее см. в [Золян, 2016]).

Можно привести и другие примеры контекстно-обусловленных изменений. Тот же кодон, кодирующий метионин, может выступать как старт-кодон (сигнал начала синтеза белка). При этом в качестве определяющего контекста выступает вся информационная РНК. Как отмечал академик Л.П. Овчинников,

...для узнавания кодона в качестве иницирующего важен не только сам и, может быть, не столько сам кодон, но какой-то контекст, делающий его иницирующим. У эукариот инициация происходит... чаще всего с первого AUG, однако только в том случае, если этот AUG находится в оптимальном контексте: за два нуклеотида до него обязательно должен находиться пурин (А или G), а непосредственно за ним должен следовать G. Если первый AUG в эукариотической иРНК находится не в оптимальном контексте, он пропускается и инициация начинается со следующего AUG. Для такой инициации очень важно также наличие кэп-структуры на 5'-конце иРНК и, как ни странно, поли(А)-последовательности на противоположном конце молекулы. Кэп-структура и поли(А)- последовательность узнаются специфическими белками, которые также необходимы для инициации. При таком способе инициации трансляции у эукариот последовательность иРНК как бы просматривается (сканируется) с начала иРНК (от ее кэп-структуры) для поиска кодона AUG в оптимальном контексте [Овчинников, 1998, с. 13].

Отметим, что подобный механизм распознавания предполагает, во-первых, наличие некоторого аналога макро-структуры или даже суперструктуры – некоторого каркаса, определяющего организацию всего текста в целом, в отличие от микроструктур, радиус действия которых ограничен отдельными сегментами (см.: [Дейк ван, Кинч, 1988]). Во-вторых, подобное удаленное распознавание и учет информации, содержащейся на противоположных концах молекулы, требует определенных волновых механизмов ее передачи («сканирования»).

Аналогично на основе дистантной контекстной зависимости оказывается возможным кодирование аминокислот, не входящих в канонический генетический код – пирролизина и селеноцистеина. Так, если за кодирующим участ-

¹⁰ Это обозначение нуклеотидов: А – аденин, Т – тимин, С – цитозин, G – гуанин; в РНК место тимина занимает урацил – U.

ком гена следует особая последовательность нуклеотидов, называемая SECIS (selenocysteine insertion sequence), то стоп-кодон UGA интерпретируется как кодирующий селеноцистеин. Эта последовательность может отстоять от UGA на очень большое расстояние – иногда на расстояние 200 нуклеотидов, и находиться в нетранслируемой области иРНК. Подобным же образом, но уже посредством другого стоп-кодона (UAG), кодируется пирролизин [Turanov, Lobanov, Fomenko et al., 2008].

Указанные факты, с точки зрения биохимических закономерностей представляющие загадочной «алхимией», получают системное объяснение, если подходить к ним как к семиотическим, или, в терминах В.А. Ратнера, информационно-лингвистическим явлениям. В этом случае они выступают в качестве своеобразной реализации таких хорошо известных свойств знаковых систем, как многозначность и контекстная зависимость, произвольность и изменчивость знака, текстообразная организация информации.

Подобные семиотические характеристики генетической информации выявляются уже на наиболее простом, первом уровне ее организации – уровне нуклеотидов и аминокислот. Между тем, перифразируя сказанное М. Хэллidayем о тексте¹¹, геном можно рассматривать и как последовательность нуклеотидов и аминокислот, и как некоторую многомерную структуру, материализующуюся в форме подобной последовательности. В качестве предварительных соображений заметим, что описание генома не сводимо исключительно к последовательности нуклеотидов – при рассмотрении его организации прослеживается четкая иерархия формирования внутритекстовых структурных и функциональных единиц. На первом уровне нуклеотиды формируют триплеты, кодоны, которым соответствуют единицы второго уровня – аминокислоты. На третьем уровне последовательность аминокислот складывается в мотивы – генетические информационные блоки. Организация мотивов внутри молекулы имеет два измерения – альфа-спирали и бета-структуры, что соответствует парадигматическому и синтагматическому измерению языкового текста (а в музыковедческих терминах – это управляемая законами гармонии соотношенность мотивов и аккордов). Возможны также аналогии с метрическими и ритмическими структурами поэтической речи. Четвертый уровень текстовой организации генома – уровень топологических характеристик (поверхностей), на котором различные субтексты объединяются в целое.

В этой связи крайне интересной представляется развитие и конкретизация идеи А.Е. Седова о двух принципиально различных типах кодирования генетической информации: буквенного (посредством нуклеотидов) и иероглифического, когда низкомолекулярные соединения выступают как комплексный целостный знак [Седов, web]. Тем самым вводится понятие уровня организации генома – как оно понимается в лингвистике: отношение «состоять из – включаться в». Это будет межуровневое отношение между знаками, состоящими из единиц-букв предшествующего уровня и, в свою очередь, являющимися компонентами единиц-иероглифов последующего уровня (сравните: слово состоит из морфем, но на следующем уровне словосочетания выступает как целостный знак-иероглиф).

¹¹ Ср.: «Разумеется, нельзя оспаривать, что термин текст обозначает цепочку предложений, но важно при этом подчеркнуть, что в действительности текст реализуется в предложениях, а не конституируется ими» [Halliday, 1978, p. 135].

Заключение

Рассмотрение молекулярных генетических процессов как информационных естественно приводит к вопросу о форме организации и каналах передачи этой информации. Возможность лингво-семиотической теории генома хорошо согласуется с общими представлениями о характере информационных процессов, но она никак не освещается в самой генетике. Между тем подобная постановка вопроса требует серьезной экспертизы. В ней можно увидеть основы альтернативного описания геномики человека. Понимается, речь идет не о самих генетических процессах и механизмах, которые, безусловно, есть биохимическая субстанция, а об их описании, метапредставлении. Сами процессы от этого не меняются, но получают новое объяснение, и в результате могут быть выявлены важные характеристики организации генетической информации.

Следует исходить из того, что организация генома многоаспектна и многофакторна. Поэтому возможны различные модели организации генетической информации – не только внутродисциплинарные, но и меж- и трансдисциплинарные. Никакие семиотические модели не способны описать процессы биохимического взаимодействия, но в то же время, как мы постарались показать, ряд характеристик генетической информации (язык и речь, контекстуальная зависимость, произвольность знака, синхрония и диахрония) не сводимы к биохимическим процессам и получают достаточно очевидное объяснение, если рассматривать их в качестве характеристик семиотических систем. Собственно генетическая значимость подобных семиотических характеристик неизвестна и может быть выявлена только совместно с генетиками. Однако само наличие таких характеристик дает весомое основание предполагать, что они обладают неясной на сегодняшний день функциональной значимостью. Задачей настоящей статьи было привлечь внимание к информационно-семиотическим аспектам генетических процессов. Надеемся, это поможет наметить контуры трансдисциплинарного подхода, при котором привычные биохимические модели экспрессии генов будут дополнены лингво-информационными (семиотическими).

Список литературы

Владимирский, Чуян, 2008 – *Владимирский Б.М., Чуян Е.Н.* А.Г. Гурвич и его выдающиеся ученики – Г.М. Франк и А.А. Любищев // Уч. зап. Таврич. нац. ун-та им. В.И. Вернадского. Сер. «Биология, химия». 2008. Т. 21(60). № 1. С. 3–9.

Гурвич А., Гурвич Л., 1948 – *Гурвич А.Г., Гурвич Л.Д.* Введение в учение о митогенезе. 4-е изд. М.: Изд-во АМН СССР, 1948. 144 с.

Дейк ван, Кинч, 1988 – *Дейк Т.А. ван, Кинч В.* Стратегии понимания связного текста // Новое в зарубежной лингвистике. Вып. 23: Когнитивные аспекты языка. М.: Прогресс, 1988. С. 153–212.

Жакоб, 1990 – *Жакоб Ф.* Лингвистическая модель в биологии // Вопр. языкознания. 1990. № 3. С. 135–141.

Золян, 2016 – *Золян С.Т.* Вновь о соотношенности языка и генетического кода // Вопр. языкознания. 2016. № 1. С. 114–132.

- Золян, Жданов, 2016 – *Золян С.Т., Жданов Р.Г.* Геном как (гипер)текст: от метафоры к теории // Критика и семиотика. 2016. № 1. С. 60–84.
- Иванов, 2010 – *Иванов Вяч.Вс.* Границы семиотики: вопросы к предварительному обсуждению // Современная семиотика и гуманитарные науки. М.: Яз. славян. культуры, 2010. С. 31–52.
- Карцевский, 1965 – *Карцевский С.О.* Обасимметричном дуализме лингвистического знака // *Звегинцев В.А.* История языкознания XIX–XX веков в очерках и извлечениях. Ч. 2. 3-е изд. М.: Просвещение, 1965. С. 85–93.
- Крик, 2002 – *Крик Ф.* Жизнь как она есть: ее зарождение и сущность / Пер. с англ. Е.В. Богатыревой. М.: Ин-т компьютер. Исслед., 2002. 160 с.
- Крик, Ниренберг, 1962 – *Крик Ф., Ниренберг М.* Генетический код // Успехи физ. наук. 1964. Т. LXXXII. Вып. 1. С. 133–160.
- Николаев, 1992 – *Николаев Ю.А.* Дистантные взаимодействия между клетками бактерий // Микробиология. 1992. Т. 61. № 6. С. 1066–1071.
- Николаев, 2000 – *Николаев Ю.А.* Дистантные информационные взаимодействия у бактерий // Микробиология. 2000. Т. 69. № 5. С. 597–605.
- Овчинников, 1998 – *Овчинников Л.П.* Что и как закодировано в мРНК // Соросовский образовательный журнал Биология. 1998. № 4. С. 10–18.
- Ратнер, 1965 – *Ратнер В.А.* Генетические управляющие системы: Автореф. дис... канд. биол. наук. АН СССР, Сибир. Отд-ние, Объединен. совет по биол. наукам. Новосибирск, 1965. 26 с.
- Ратнер, 1993 – *Ратнер В.А.* Сравнительная иерархическая структура генетического языка // Генетика. 1993. Т. 29. № 5. С. 720–739.
- Ратнер, 2000 – *Ратнер В.А.* Хроника великого открытия: идеи и лица // Природа. 2000. № 6. С. 22–30.
- Седов, 2000 – *Седов А.Е.* Метафоры в генетике // Вестн. Рос. акад. наук. 2000. Т. 70. № 6. С. 526–534.
- Седов, web – *Седов А.Е.* Этюды био-логики. URL: <https://www.proza.ru/2008/04/18/507> (дата обращения: 20.10.2017).
- Соловьев, Кель, Рогозин, Колчанов, 1988 – *Соловьев В.В., Кель А.Э., Рогозин И.Б., Колчанов Н.А.* Использование ЭВМ в молекулярной биологии. Введение в теорию генетических текстов. Новосибирск: Изд-во Новосибир. ун-та, 1988. 92 с.
- Степанов, 1971 – *Степанов Ю.С.* Семиотика. М.: Наука, 1971. 168 с.
- Фриленд, Херст, 2004 – *Фриленд С., Херст Л.* Закодированная эволюция // В мире науки. 2004. № 7. С. 55–63.
- Шредингер, 2002 – *Шредингер Э.* Что такое жизнь? Физический аспект живой клетки. М.; Ижевск: НИЦ «Регулярная и хаотическая динамика», 2002. 92 с.
- Augustyn, 2013 – *Augustine P.* What connects biolinguistics and biosemiotics? // Biolinguistics. 2013. Vol. 7/4. P. 96–111.
- Barrell, Bankier, Drouin, 1979 – *Barrell B.G., Bankier, A.T., Drouin J.* A different genetic code in human mitochondria // Nature. 1979. Vol. 282. P. 189–194.
- Bickerton, 2014 – *Bickerton D.* Some problems for biolinguistics // Biolinguistics. 2014. Vol. 8. P. 73–96.
- Biosemiotic Perspectives, 2015 – *Biosemiotic Perspectives on Language and Linguistics / Ed. by E. Velmezova, K. Kull, S.J. Cowley.* N. Y.; Dordrecht; L.: Springer International Publishing Switzerland, 2015. 295 p.
- Chebanov, 1999 – *Chebanov S.V.* Biohermeneutics and hermeneutics of biology // Semiotica. 1999. Vol. 127. No. 1–4. P. 215–226.
- Copley, Smith, Morowitz, 2005 – *Copley S.D., Smith D.E., Morowitz H.G.* A mechanism for the association of aminoacids with their codons and the origin of the genetic code // Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 2005. Vol. 102. P. 4442–4447.

- Crick, 1966 – *Crick F.* The Genetic Code – Yesterday, Today and Tomorrow // Cold Spring Symposium on Quantitative Biology. 1966. Vol. 31. P. 3–9.
- Crick, 1981 – *Crick F.* Life Itself: Its Origin and Nature. L.: Simon & Schuster, 1981. 192 p.
- Gamow, 1954 – *Gamow G.* Possible Relation between Deoxyribonucleic Acid and Protein Structures // Nature. 1954. Vol. 173. P. 318.
- Gimona, 2008 – *Gimona M.* Protein linguistics and the modular code of the cytoskeleton // The Codes of Life: The Rules of Macroevolution / Ed. by M. Barbieri. Berlin: Springer, 2008. P. 189–206.
- Halliday, 1978 – *Halliday M.A.K.* Language as Social Semiotic: The Social Interpretation of Language and Meaning. Baltimore: University Park Press, 1978. 256 p.
- Hogeweg, 2011 – *Hogeweg P.* The Roots of Bioinformatics in Theoretical Biology // PLoS Comput Biol. 2011. Vol. 7. No. 3: e1002021.
- 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. P. 419–453.
- Kull, Emmeche, Hoffmeyer, 2011 – *Kull K., Emmeche C., Hoffmeyer J.* Why Biosemiotics? An Introduction to Our View on the Biology of Life Itself // Towards a Semiotic Biology. Life Is The Action Of Sign / Ed. by C. Emmeche, K. Kull. L.: Imperial College Press, 2011. P. 1–25.
- Marais, Kull, 2016 – *Marais K., Kull K.* Biosemiotics and translation studies // Border Crossing. Translation Studies and other disciplines / Ed. by Y. Gambier, L. van Doorslaer. Amsterdam & Philadelphia: John Benjamins Publishing Company, 2016. P. 170–188.
- Rotshild, 1962 – *Rotshild F.S.* Laws of symbolic mediation in the dynamics of self and personality // Annals of the New York Academy of Sciences. 1962. Vol. 96. Part 3. P. 774–784.
- Towards a Semiotic Biology, 2011 – Towards a Semiotic Biology. Life Is The Action Of Sign / Ed. by C. Emmeche, K. Kull. L.: Imperial College Press, 2011. 304 p.
- Trifonov, 2000 – *Trifonov E.* Earliest pages of bioinformatics // Bioinformatics. 2000. Vol. 16. No. 1. P. 5–9.
- Turanov, Lobanov, Fomenko et al., 2008 – *Turanov A.A., Lobanov A.V., Fomenko D.E. et al.* Genetic Code Supports Targeted Insertion of Two Amino Acids by One Codon // Science. 2008. Vol. 323. P. 259–261.
- Weigmann, 2004 – *Weigmann K.* The code, the text and the language of God // EMBO Reports. 2004. Vol. 5. No. 2. P. 116–118.

Genome as a semio-informational phenomenon

Suren T. Zolyan

Institute of Humanities, Immanuel Kant Baltic Federal University. 14 A. Nevskogo Str., Kaliningrad, 236016, Russian Federation; Institute of Philosophy, Sociology and Law, National Academy of Sciences of Armenia. 44 Aram Str., Yerevan, 375010, Republic of Armenia; Institute of Scientific Information on Social Sciences. 51/21 Nakhimovskij Av., Moscow, 117997, Russian Federation; e-mail: surenzolyan@gmail.com

Renad I. Zhdanov

Institute of Advanced Studies, Moscow State Pedagogical University. 1/1 M. Pirogovskaya Str., Moscow, 119991, Russian Federation; Institute of Fundamental Medicine and Biology, Kazan Federal University. 18 Kremlyovskaya Str., Kazan, 420008, Russian Federation; e-mail: zrenad@gmail.com

The article addresses the possibilities of linguistic (semiotic) description of the genetic code. Typically, molecular genetics is defined as a branch of biology that investigates on the molecular level the patterns and mechanisms of creating, processing, transmitting and storing

information. The substantial similarity between language and genetic information processing has been intuitively recognized since genetics was founded, and many scholars have noted the possibility of considering genes and genomes as texts or languages. The assumption that the bio-molecular processes are a special type of informational ones entails that they must share the most important characteristics common to all forms of communication. We shall intend to demonstrate that as such common ground, the textual organization of signals should be mentioned and the idea of the textual processing of the genetic information would be a useful tool for the explication of the basic functional characteristics of its structuring. The distinction between a biochemical substance and a semiotic form allows to distinguish and describe relationships that are characteristic not so much for biological as for sign systems (dichotomy of language and speech, arbitrariness of sign, contextual dependence, polysemy and homonymy, synchrony and diachrony). The principle of context sensitivity allows describe cases when biochemically same sequence of nucleotides, depending on its location, acquires a different meaning and performs a different function. In particular, some essential features of gene expression common with human reading can be revealed: this is a faculty to identify the biochemical sequences based on their function in an abstract system and distinguish between type and its contextual sensitive variants (*tokens*) of the same type. Thus the processing of genetic information is understood as some operations on text – as a writing, reading, and editing. This allows to describe genetic information as a dual – biochemical and semiotic entity, and apply as a complement to existing biochemical methods also a semiotic apparatus. The semiotic-informational approach to genome allows to reveal new forms of ordering of genetic information and to find a systemic explanation for a number of phenomena previously considered as deviations.

Keywords: genetic information, genetic code, genome, semiotics

Acknowledgements: The research is funded by a grant of the Russian scientific foundation (Project № 17-18- 01536).

References

- Augustine, P. “What connects biolinguistics and biosemiotics?”, *Biolinguistics*, 2013, vol. 7, pp. 96–111.
- Barrell, B. G., Bankier, A. T., Drouin, J. “A different genetic code in human mitochondria”, *Nature*, 1979, vol. 282, pp. 189–194.
- Bickerton, D. “Some problems for biolinguistics”, *Biolinguistics*, 2014, vol. 8, pp. 73–96.
- Chebanov, S. V. “Biohermeneutics and hermeneutics of biology”, *Semiotica*, 1999, vol. 127, no. 1/4, pp. 215–226.
- Copley, S. D., Smith, D. E., Morowitz, H. G. “A mechanism for the association of aminoacids with their codons and the origin of the genetic code”, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 2005, vol. 102, pp. 4442–4447.
- Crick, F. “The Genetic Code – Yesterday, Today and Tomorrow”, *Cold Spring Symposium on Quantitative Biology*, 1966, vol. 31, pp. 3–9.
- Crick, F. *Life Itself: Its Origin and Nature*. London: Simon & Schuster, 1981. 192 pp.
- Crick, F. *Zhizn' kak ona est': ee zarozhdenie i sushchnost'* [Life Itself: Its Origin and Nature], trans. by E.V. Bogatyrevoi. Moscow: Institut komp'yuternykh issledovaniy Publ., 2002. 160 pp. (In Russian)
- Crick, F., Nierenberg, M. “Geneticheskiy kod” [The Genetic Code], *Uspekhi fizicheskikh nauk*, 1964, vol. LXXXII, vyp. 1, pp. 133–160. (In Russian)
- Deik, T. A. van, Kinch, V. “Strategii ponimaniya svyaznogo teksta” [The Strategies Of Understanding of a Coherent Text], in: *Novoe v zarubezhnoi lingvistike, vyp. 2, Kognitivnye aspekty yazyka*. Moscow: Progress Publ., 1988, pp. 153–212. (In Russian)

Emmeche, C., Kull, K. (Eds.) *Towards a Semiotic Biology. Life Is The Action Of Sign*. London: Imperial College Press, 2011. 304 pp.

Freeland, S., Hurst, L. “Zakodirovannaya evolyutsiya” [Encoded evolution], *V mire nauki*, 2004, vol. 7, pp. 55–63. (In Russian)

Gamow, G. “Possible Relation between Deoxyribonucleic Acid and Protein Structures”, *Nature*, vol. 173, pp. 318.

Gimona, M. “Protein linguistics and the modular code of the cytoskeleton”, in: *The Codes of Life: The Rules of Macroevolution*, ed. by M. Barbieri. Berlin: Springer, 2008, pp. 189–206.

Gurvich, A. G., Gurvich, L. D. *Vvedenie v uchenie o mitogeneze* [Introduction to the doctrine of mitogenesis], 4th edition. Moscow: Academy of Medical Sciences Publ., 1948. 144 pp. (In Russian)

Halliday, M. A. K. *Language as Social Semiotic: The Social Interpretation of Language and Meaning*. Baltimore: University Park Press, 1978. 256 pp.

Hogeweg, P. “The Roots of Bioinformatics in Theoretical Biology”, *PLoS Comput Biol.*, 2011, vol. 7, no. 3: e1002021.

Ivanov, Vyach. Vs. “Granitsy semiotiki: voprosy k predvaritel’nomu obsuzhdeniyu” [The frontiers of semiotics: questions for a preliminary discussion], in: *Sovremennaya semiotika i gumanitarnye nauki*. Moscow: Yazyki slavyanskoi kul’tury Publ., 2010. pp. 31–52. (In Russian)

Jakob, F. “Lingvisticheskaya model’ v biologii” [The linguistic model in biology], *Voprosy yazykoznaniiya*, 1990, no. 3, pp. 135–141. (In Russian)

Jakobson, R. “Linguistics. Relationship between the science of language and other sciences”, in: *Main trends of research in the social and human sciences*. The Hague: Mouton, 1970, pp. 419–453.

Kartsevskii, S. O. “Ob asimmetrichnom dualizme lingvisticheskogo znaka” [On the asymmetric dualism of a linguistic sign], in: Zvegintsev, V. A. *Istoriya yazykoznaniiya XIX–XX vekov v ocherkakh i izvlecheniyakh* [The history of linguistics of the XIX–XX centuries in essays and extracts], part 2, 3rd edition. Moscow: Prosvesshenie Publ., 1965, pp. 85–93. (In Russian)

Kull, K., Emmeche, C., Hoffmeyer, J. “Why Biosemiotics? An Introduction to Our View on the Biology of Life Itself”, in: *Towards a Semiotic Biology. Life Is The Action Of Sign*, ed. by C. Emmeche, K. Kull. London: Imperial College Press, 2011, pp. 1–25.

Marais, K., Kull, K. “Biosemiotics and translation studies”, in: *Border Crossing. Translation Studies and other disciplines*, ed. by Y. Gambier, L. van Doorslaer. Amsterdam & Philadelphia: John Benjamins Publishing Company, 2016, p. 170–188.

Nikolaev, Yu. A. “Distantnye informatsionnye vzaimodeistviya u bakterii” [Distant information interactions in bacterial], *Mikrobiologiya*, 2000, vol. 69, no. 5, pp. 597–605. (In Russian)

Nikolaev, Yu. A. “Distantnye vzaimodeistviya mezhdru kletkami bakterii” [Distant interactions between bacterial cells], *Mikrobiologiya*, 1992, vol. 61, no. 6, pp. 1066–1071. (In Russian)

Ovchinnikov, L. P. “Chto i kak zakodirovano v mRNK” [What and how is encoded in mRNA], *Sorosovskii obrazovatel’nyi zhurnal Biologiya*, 1998, no. 4, pp. 10–18. (In Russian)

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. 26 pp. (In Russian)

Ratner, V. A. “Khronika velikogo otkrytiya: idei i litsa” [Chronicle of the great discovery: ideas and persons], *Priroda*, 2000, no. 6, pp. 22–30. (In Russian)

Ratner, V. A. “Sravnitel’naya ierarkhicheskaya struktura geneticheskogo yazyka” [The comparative hierarchic structure of the genetic language], *Genetika*, 1993, no. 29, pp. 720–739. (In Russian)

Rotshild, F. S. “Laws of symbolic mediation in the dynamics of self and personality”, *Annals of the New York Academy of Sciences*, 1962; vol. 96, part 3, pp. 774–784.

Schrödinger, E. *Что takoe zhizn'?* *Fizicheskii aspekt zhivoi kletki* [What is life? Physical aspect of the living cell]. Moscow; Izhevsk: Scientific-Research Centre “Regular and chaotic dynamics” Publ., 2002. 92 pp. (In Russian)

Sedov, A. E. *Etyudy bio-logik*. [Etudes on bio-logic] [<https://www.proza.ru/2008/04/18/507>, accessed on 20.10.2017]. (In Russian)

Sedov, A. E. “Metaforы v genetike” [Metaphors in genetics], *Vestnik Rossiiskoi akademii nauk*, 2000, vol. 70, no. 6, pp. 526–534. (In Russian)

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. Publ., 1988. 92 pp.

Stepanov, Yu. S. *Semiotika* [Semiotics]. Moscow: Nauka Publ., 1971. 168 pp.

Trifonov, E. “Earliest pages of bioinformatics”, *Bioinformatics*, 2000, vol. 16, no. 1, pp. 5–9.

Turanov, A. A., Lobanov, A. V., Fomenko, D. E. et al. “Genetic Code Supports Targeted Insertion of Two Amino Acids by One Codon”, *Science*, 2008, vol. 323, pp. 259–261.

Velmezova, E., Kull, K., Cowley, S. J. (Eds.) in: *Biosemiotic Perspectives on Language and Linguistics*. London: Springer International Publishing Switzerland, 2015. 295 pp.

Vladimirskii, B. M., Chuyan, E. N. “A.G. Gurvich i ego vydayushchiesya ucheniki – G.M. Frank i A.A. Lyubishchev” [A.G. Gurvich and his outstanding students – G.M. Frank and A.A. Lyubishchev], *Uchenye zapiski Tavricheskogo natsional'nogo universiteta im. V.I. Vernadskogo. Seriya “Biologiya, khimiya”*, 2008, vol. 21(60), no. 1, pp. 3–9. (In Russian)

Weigmann, K. “The code, the text and the language of God”, *EMBO Reports*, 2004, vol. 5, no. 2, pp. 116–118.

Zolyan, S. T. “Vnov' o sootnesennosti yazyka i geneticheskogo koda” [Reintroducing the correlation between language and genetic code], *Voprosy yazykoznavaniya*, 2016, no. 1, pp. 114–132. (In Russian)

Zolyan, S. T., Zhdanov, R. G. “Genom kak (giper)tekst: ot metafory k teorii” [Genome as (hyper)text: from metaphor to theory], *Kritika i semiotika*, 2016, no. 1, pp. 60–84. (In Russian)