

ГАМКРЕЛИДЗЕ Т. В.

Р. О. ЯКОБСОН И ПРОБЛЕМА ИЗОМОРФИЗМА МЕЖДУ ГЕНЕТИЧЕСКИМ КОДОМ И СЕМИОТИЧЕСКИМИ СИСТЕМАМИ

Вопрос об изоморфизме между генетическим и лингвистическим кодами оставался долгое время предметом пристального внимания Р. Якобсона, предложившего оригинальные решения этой пограничной проблемы, возникшей на стыке сравнительно новых научных дисциплин — семиотики и молекулярной генетики.

Как известно, в пятидесятые годы нашего столетия в молекулярной биологии было сделано величайшее открытие, пролившее свет на механизм наследственности. Обнаружилось, что наследственность соответствует сообщению, записанному вдоль хромосом с помощью определенного вида химического «алфавита». В качестве исходных элементов этого алфавита, его «букв», используются четыре химических радикала, которые, комбинируясь друг с другом в бесконечных линейных последовательностях нуклеиновых кислот, создают как бы химический текст генетической информации. Подобно тому, как фраза является сегментом определенного языкового текста, составленного с помощью линейной последовательности небольшого числа исходных дискретных единиц — букв или фонем, — так отдельный ген соответствует определенному сегменту в длинной цепи нуклеиновых кислот, представляющих собой четыре исходных химических радикала. Подобно тому, как в лингвистическом коде исходные единицы (фонемы) сами по себе лишены смысла, но служат для составления с помощью определенных комбинаций минимальных их последовательностей, выражающих уже определенное содержание в пределах данной системы, точно так же в генетическом коде информативен не отдельный элемент системы, не отдельный химический радикал, а особые комбинации этих исходных четырех нуклеотидов по три элемента, создающие так называемые «триплеты». Поскольку можно составить всего 64 комбинации из четырех исходных элементов по три, генетический «словарь» состоит из 64 «слов», из коих три триплета представляют собой «знаки препинания», маркирующие в длинной последовательности нуклеиновых кислот начало и конец «фразы», а остальные соотносятся с одной из 20 аминокислот. Тут налицо неодно-однозначное соотношение, и среди таких «триплетов» выделяются «синонимичные слова», т. е. такие последовательности, которые соотносятся с одной и той же аминокислотой. Установление подобных соотношений между триплетными из четырех исходных элементов и 20 аминокислотами и перевод длинной цепи «триплетов» в протеиновую последовательность аминокислот, в пептидную цепь и есть считывание, или декодирование, наследственной информации, содержащейся в генетическом коде, подобно тому, как сообщение, закодированное «азбукой Морзе», считывается при переводе его на какой-либо язык. При этом ста-

новится очевидным, что все живое обладает «знанием» генетического кода в том смысле, что оно способно правильно считывать генетические «слова», составляющие содержание генетической информации, и синтезировать в соответствии с этим протеиновые последовательности. В этом отношении генетический код универсален, его ключом обладает все живое на Земле [1]. Таким образом, бесконечное многообразие всего живого сводится в конечном счете к длиннейшим генетическим «сообщениям», составленным по особым правилам линейной комбинаторики элементов генетического кода, обладающего разительными чертами структурного сходства с кодом лингвистическим. И не случайно, что с самого момента расшифровки генетического кода молекулярная генетика стала заимствовать лингвистические понятия и лингвистическую терминологию при дальнейшем изучении механизма наследственности¹. Однако характерной чертой лингвистического кода, лежащего в основе естественных языков, которая отличает его от кода генетического, является значительно большее, чем четыре, число исходных единиц — фонем, комбинации которых и составляют минимальные значимые элементы звукового языка. Это создает в языковой системе избыточность, в условиях которой становится возможным исправлять или восстанавливать искажения в сообщениях, возникающие в результате нарушения под влиянием внешних факторов комбинаторики установленных последовательностей исходных единиц. Таким свойством генетический код не обладает, и любая пермутация или элиминация отдельных элементов в линейной последовательности нуклеотидов приводит неизбежно к искажению первоначально записанной генетической информации.

Выявляемый структурный изоморфизм между двумя различными информационными системами — генетической и языковой, строящимися на линейной комбинаторике исходных дискретных единиц, ставит феноменологический вопрос о природе этих систем и о причинах возникновения подобного структурного изоморфизма. Выдвигаются различные точки зрения.

Наиболее характерен в этом отношении научный спор между двумя крупнейшими учеными современности — лингвистом Романом Якобсоном и биологом-генетиком Франсуа Жакобом.

Является ли выявляемый структурный изоморфизм между двумя кодами — генетическим и лингвистическим — чисто внешним, возникшим в результате структурного сближения или совпадения двух различных систем, выполняющих аналогичные информационные функции, или же этот изоморфизм есть результат филогенетического конструирования языкового кода по модели, по образцу и структурным принципам кода генетического? Это второе предположение отстаивается Р. Якобсоном, тогда как Фр. Жакоб допускает скорее аналогичную структурированность различных информационных систем при аналогичных функциях.

Якобсоновское понимание структурного изоморфизма между генетическим и лингвистическим кодами предполагает эволюционный процесс на-

¹ Со своей стороны, и в лингвистике наблюдаются случаи заимствования некоторых понятий и терминов из молекулярной генетики. Так, например, в теории маркированности члены иерархического отношения «маркированности», именовавшиеся ранее «немаркированный» ~ «маркированный» (что в конечном счете восходит к терминологии Пражской лингвистической школы, согласно которой члены этого бинарного отношения характеризовались как «беспризнаковый» ~ «признаковый» — «merkmallos» ~ «merkmalhaltig»), предлагается, в соответствии с их содержанием, ныне называть «доминантным» ~ «рецессивным», а само «отношение маркированности» переформулировать как «отношение доминанции» [2].

ложения лингвистического кода непосредственно на генетический и копирования его структурных принципов, осуществившийся в условиях бессознательного владения живым организмом знанием характера и структуры последнего. Это полностью относится к сфере бессознательного, к неосознаваемому владению организмом информацией о строении и структуре существенных его механизмов. И все это выразилось не только в филогенетическом процессе оформления структур языкового механизма по модели генетического кода, но и в различных творческих актах отдельных выдающихся личностей, строящих особые информационные (семиотические) системы в общем по модели генетического кода без эксплицитного знания структуры последнего².

В этой связи уместно вспомнить о теории глоттогонического процесса крупнейшего ученого-лингвиста и филолога Н. Я. Марра, обладавшего своеобразной научной интуицией, позволявшей ему порой приходить к совершенно неожиданным с логической точки зрения научным решениям. Так, например, Н. Я. Марр сводит исторически возникшее многообразие языков именно к четырем (sic!) исходным элементам, состоящим, как это ни странно, из своеобразных звуковых «троек» — бессмысленных последовательностей — *сал, бер, йон, рош*. Любой текст произвольной длины на любом языке мира есть в конечном счете результат фонетического преобразования только этих исходных четырех, самих по себе ничего не значащих элементов, скомбинированных в определенной линейной последовательности. Этим, по мнению Н. Я. Марра, и определяется единство глоттогонического процесса.

Глоттогоническая теория Н. Я. Марра не имеет под собой никаких рациональных оснований. Она противоречит и логике современной теоретической лингвистики, и языковой эмпирии, и в этом смысле она иррациональна. Но теория эта, представляющая своеобразную структурную модель языка, весьма близкую к генетическому коду, не иррелевантна для науки и может служить иллюстрацией проявления в ученом интуитивных и неосознанных представлений о структуре генетического кода, очевидно, подсознательно скопированных им при создании оригинальной модели языка. Эксплицитных и осознанных знаний о такой структуре генетической информационной системы Н. Я. Марр иметь, конечно, не мог, как не могли ими обладать и те древнекитайские философы, которые примерно три тысячи лет назад составили книгу «И Чинь» («Chinese Book I Ching. The Book of Transformations») и разработали особую систему трансформаций четырех бинарных элементов, составленных из «мужского принципа» *ян* (yang) и «женского принципа» *инь* (yin) и сгруппированных по три, что дает всего 64 троичных последовательности, аналогичных генетическим «триплетам». С помощью сочетаний подобных «троек» и описывается в этой древнекитайской символической системе многообразие всего живого и устанавливаются соотношения между ними. В этом контексте особо значима также система с четырьмя элементами мира в космогонии ионийцев, с четырьмя жидкостями человеческого тела у Гиппократов и др.

Все эти символические семиотические системы (и в особенности древнекитайская система трансформаций бинарных элементов *инь* и *ян* и мар-

² Само раскрытие структуры генетического кода есть в сущности осознание человеком основ строения и структуры собственного генетического механизма, перевод из сферы «бессознательного» в сферу «осознанного» знания о структуре всего живого, имплицитно заложенного в каждом живом организме.

ровская модель языка) поразительно совпадают, вплоть до количественных параметров, со структурой генетического кода, выступающего в создателях этих систем, очевидно, в качестве их неосознаваемого моделирующего субстрата.

ЛИТЕРАТУРА

1. *Jacob F.* The linguistic model in biology // Roman Jakobson. Echoes of his scholarship / Ed. by Armstrong D., Schooneveld C. H. van. Lisse, 1977.
2. *Gamkrelidze Th. V.* Hierarchical relations among phonemic units as phonological universals // Proceedings of the Ninth International Congress of Phonetic Sciences. V. II. Copenhagen, 1979.