

Институт научной информации по общественным наукам
Российской академии наук
(ИНИОН РАН)

МЕТОД

**МОСКОВСКИЙ ЕЖЕКВАРТАЛЬНИК ТРУДОВ
ИЗ ОБЩЕСТВОВЕДЧЕСКИХ ДИСЦИПЛИН**

Выпуск 12
(продолжение серии ежегодников МЕТОД)
Том 2 № 4

**МОСКВА
2022**

Печатается по решению ученого совета ИНИОН РАН

Главный редактор – М.В. Ильин

Редакционная коллегия

Авдонин В.С. – д-р полит. наук, канд. филос. наук, вед. науч. сотр. ИНИОН РАН; *Бажанов В.А.* – д-р филос. наук, зав. кафедрой философии Ульяновского государственного университета; *Гребенищикова Е.Г.* – д-р филос. наук, руководитель центра научно-информационных исследований по науке, образованию и технологиям ИНИОН РАН; *Демьянков В.З.* – д-р филол. наук, гл. науч. сотр. Института языкознания РАН; *Еремеев А.В.* – д-р физ.-мат. наук, и.о. директора Омского филиала Института математики им. С.Л. Соболева РАН; *Золян С.Т.* – д-р филол. наук, проф. Балтийского федерального университета им. И. Канта; *Ильин М.В.* – д-р полит. наук, канд. филол. наук, руководитель центра перспективных методологий социально-гуманитарных исследований ИНИОН РАН; *Кузнецов А.В.* – член-корр. РАН, д-р экон. наук, директор ИНИОН РАН; *Пивоваров Ю.С.* – академик РАН, д-р полит. наук, научный руководитель ИНИОН РАН; *Санников С.В.* – канд. истор. наук, исполнительный директор Фонда научно-технологического развития Новосибирской области; *Спиров А.В.* – канд. биол. наук, ст. науч. сотр. Лаборатории моделирования эволюции Института эволюционной физиологии и биохимии им. И.М. Сеченова РАН; *Фомин И.В.* – канд. полит. наук, независимый исследователь; *Чалый В.А.* – д-р филос. наук, проф. Балтийского федерального университета им. И. Канта; *Чебанов С.В.* – д-р филол. наук, проф. кафедры математической лингвистики СПбГУ

Ответственный за выпуск – **М.В. Ильин**

Ответственные за номер – **М.В. Ильин, И.В. Фомин**

МЕТОД : московский ежеквартальник трудов из общественных дисциплин: ежеквартал. науч. изд. / под ред. М.В. Ильина ; ИНИОН РАН, центр перспект. методологий соц.-гуманит. исследований. – М., 2022. – Вып. 12. – Т. 2, № 4. – 192 с.

М 54

ББК 72.3
УДК 009

DOI: 0.31249/metodquarterly/02.04.00

© ИНИОН РАН, 2022

Institute of Scientific Information for Social Sciences
of the Russian Academy of Sciences
(INION RAN)

METHOD

**MOSCOW QUARTERLY JOURNAL
OF SOCIAL STUDIES**

Part 12
(continuation of the yearbook series METHOD)
Volume 2 No 4

Moscow
2022

Published by decision of the Academic Council of INION RAN

Editor-in-Chief

Mikhail Ilyin, Institute of Scientific Information for Social Sciences of the Russian Academy of Sciences (Moscow, Russia)

Editorial Board

Vladimir Avdonin, Institute of Scientific Information for Social Sciences of the Russian Academy of Sciences (Moscow, Russia);

Valentin Bazhanov, Ulyanovsk State University (Ulyanovsk, Russia);

Vadim Chaly, Immanuel Kant Baltic Federal University (Kaliningrad, Russia);

Sergey Chebanov, Saint Petersburg State University (Saint Petersburg, Russia);

Valery Demyankov, Institute of Linguistics, Russian Academy of Sciences (Moscow, Russia);

Anton Eremeev, Omsk Branch of Sobolev Institute of Mathematics, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences (Omsk, Russia);

Ivan Fomin, Independent researcher;

Elena Grebenshikova, Institute of Scientific Information for Social Sciences of the Russian Academy of Sciences (Moscow, Russia);

Mikhail Ilyin, Institute of Scientific Information for Social Sciences of the Russian Academy of Sciences (Moscow, Russia);

Alexey Kuznetsov, Institute of Scientific Information for Social Sciences of the Russian Academy of Sciences (Moscow, Russia);

Yuri Pivovarov, Institute of Scientific Information for Social Sciences of the Russian Academy of Sciences (Moscow, Russia);

Sergey Sannikov, Science and technology development fund of the Novosibirsk region (Novosibirsk, Russia);

Alexander Spirov, Sechenov Institute of Evolutionary Physiology and Biochemistry, Russian Academy of Sciences (Saint Petersburg, Russia);

Suren Zolyan, Immanuel Kant Baltic Federal University (Kaliningrad, Russia); National Academy of Sciences, Institute of Philosophy, Sociology and Law (Yerevan, Armenia)

Responsible Editor of the Volume

Mikhail Ilyin, Institute of Scientific Information for Social Sciences of the Russian Academy of Sciences (Moscow, Russia)

Responsible Editor of the Issue

Mikhail Ilyin, Institute of Scientific Information for Social Sciences of the Russian Academy of Sciences (Moscow, Russia);

Ivan Fomin, Independent researcher

DOI: 0.31249/metodquarterly/02.04.00

© INION RAN, 2022

ТЕМА НОМЕРА:
Эволюция систем и кодов, дискурсов и семиозиса

СОДЕРЖАНИЕ

СИСТЕМЫ И КОДЫ

<i>Кобякова И.И., Суховерхов А.В.</i> Возникновение, развитие и взаимодействие систем как фактор эволюционного развития.....	7
<i>Принц Р.</i> База данных код-биологии. Список биологических кодов.....	22
<i>Чебанов С.В.</i> Биологические коды, перевод и биоценозы	101

**КАК МОЛЕКУЛЫ СТАЛИ ЗНАКАМИ,
ПОСЛАНИЯМИ И ДИСКУРСАМИ**

<i>Фомин И.В.</i> О рубрике	105
<i>Свирчевский Д.А.</i> Как молекула стала сообщением? (Реферат).....	109
<i>Остапенко Г.И., Думов А.В.</i> Как молекулы стали знаками (Реферат)	115
<i>Шерман Дж.</i> Величайший потенциальный вклад биосемиотики в биологию	123
<i>Шаров А.А.</i> Как интегрировать биосемиотику с биологией и физикой?	153
<i>Чебанов С.В.</i> Встреча физики и семиотики – только семиопозис?	161

**ОСНОВАНИЯ СОЦИАЛЬНЫХ ПРАКТИК,
ДИСКУРСОВ И СЕМИОЗИСА**

<i>Фомин И.В.</i> Ограничение, стандартизация и габитуация в интерпретирующих системах. Как представить логономический аспект социального семиозиса? (Доклад)	168
---	-----

ISSUE TOPIC:
Evolution of systems and codes, discourses and semiosis

CONTENTS

SYSTEMS AND CODES

<i>Irina Kobyakova, Anton Sukhoverkhov. The Origin, Development and Interaction of Systems as a Driving Force of Evolution</i>	7
<i>Robert Prinz. Code Biology Database – A List of Biological Codes</i>	22
<i>Sergey Chebanov. Biological Codes, Translation, and Biocenoses</i>	101

**HOW MOLECULES BECOME SIGNS,
MESSAGES AND DISCOURSES**

<i>Ivan Fomin. Introducing Section.....</i>	105
<i>Dmitriy Svirchevskiy. How does a Molecule Become a Message? (Summary)</i>	109
<i>German Ostapenko, Aleksandr Dumov. How Molecules Become Signs (Summary)</i>	115
<i>Jeremy Sherman. Biosemiotics’ Greatest Potential Contribution to Biology.....</i>	123
<i>Alexei Sharov. How to Integrate Biosemiotics with Biology and Physics?</i>	153
<i>Sergey Chebanov. Physics’ and Semiotics’ Meeting is Only Semiopoeisis?.....</i>	161

**FOUNDATIONS OF SOCIAL PRACTICES,
DISCOURSES AND SEMIOSIS**

<i>Ivan Fomin. Constraining, Standardization, and Habituation in Interpretative Systems. How to Imagine the Logonomic Aspects of Social Semiosis? (Report).....</i>	168
---	-----

СИСТЕМЫ И КОДЫ

DOI: 10.31249/metodquarterly/02.04.01

Кобякова И.И.¹, Суховерхов А.В.²

Возникновение, развитие и взаимодействие систем как фактор эволюционного развития

Аннотация. В статье рассмотрены внутренние и внешние взаимодействия телеономных систем и их влияние на механизмы / векторы направленности эволюции. Основные теоретические и методологические принципы статьи основаны на теории динамической, или процессуальной, онтологии, которая заменяет онтологию субстанций (предметов) онтологией процессов. Работа направлена на развитие концепций расширенного эволюционного синтеза путем включения в сферу биологических исследований основных положений динамической онтологии и идеи телеономности живых систем. В работе выделяются следующие типы внутренних и внешних взаимодействий, определяющих и направляющих эволюционное развитие систем: 1) сохранение целостности и устойчивых свойств собственной структуры; 2) усложнение и дифференциация структуры; 3) конвергенция и дивергенция разных систем; 4) синергетическое взаимодействие; 5) ограничение; 6) индивидуализация; и 7) пластичность. Обосновывается, что взаимодействие систем может быть рассмотрено как один из фундаментальных факторов эволюционного развития наряду с мутацией генов, естественным отбором, конструированием экологических ниш и негенетическими системами наследования.

Ключевые слова: расширенный эволюционный синтез; теория развивающихся систем; телеономия; динамическая онтология; теория эволюции.

Для цитирования: Кобякова И.И., Суховерхов А.В. Возникновение, развитие и взаимодействие систем как фактор эволюционного развития // МЕТОД : московский ежеквартальник трудов из обществоведческих дисциплин: ежеквартал. науч. изд. / под ред. М.В. Ильина ; ИНИОН РАН, центр перспект. методологий соц.-гуманит. исследований. – М., 2022. – Вып. 12. – Т. 2, № 4. – С. 7–21. – URL: <http://www.doi.org/10.31249/metodquarterly/02.04.01>

¹ **Кобякова Ирина Иннокентьевна**, кандидат философских наук, сотрудник кафедры философии Кубанского государственного аграрного университета им. И.Т. Трубилина, г. Краснодар, Россия, e-mail: philos09@mail.ru

² **Суховерхов Антон Владимирович**, кандидат философских наук, доцент кафедры философии Кубанского государственного аграрного университета им. И.Т. Трубилина, г. Краснодар, Россия, e-mail: sukhoverkhov.ksau@gmail.com

© Кобякова И.И., Суховерхов А.В., 2022

Введение: как возникает природное многообразие?

Несмотря на бурный рост научных открытий, развитие новых методов исследований, в эволюционной теории XXI в. остается нерешенной загадка возникновения и расцвета сложных форм жизни. Почему, каким образом и при каких условиях из молекул появляются системы, конгломераты, которые имеют признаки целостных образований и способны защищать себя, находить и создавать комфортные для собственного развития ниши, формировать развивающиеся сообщества организмов и т.д. [Ильин, 2021, с. 73–87; Князева, Алюшин, 2016, с. 16–31; Исакова, 2004].

Для объяснения «творческих» движущих сил эволюции классик эволюционизма Ч. Дарвин считал достаточным представление об *изменчивости* как неограниченном источнике разнообразия организмов в природе, предоставляющей материал для *естественного отбора*. Естественный отбор при этом рассматривался в качестве главной *действующей причины* эволюции, а изменчивость – как почти полностью случайная и второстепенная.

Дарвиновская традиция понимания изменчивости сохранилась и в XX в. Такие исследователи движущих факторов эволюции, как Э. Майр, Дж. Симпсон, Ф. Добжанский, отказывались обсуждать природу изменчивости и отрицали идеи ортогенеза (направленности эволюции) [Попов, 2005]. В тоже время, в связи с открытием генетического кода, у сторонников данного подхода появилась возможность объяснить природу и механизмы наследственной изменчивости посредством *случайной* мутации генов [Guergo-Vosagna, 2017, p. 469–476]. Однако в дарвиновской градуалистической и селекционистской модели эволюции остается нерешенной, например, проблема «Кембрийского взрыва» («Кембрийский парадокс») – взрывообразное возникновение новых видов в начале кембрийской эпохи. Гипотезы неodarвинистов о «долгой скрытой докембрийской эволюции» на данный момент не нашли подтверждения [Briggs, 2015].

В этом контексте русская эволюционная теория (Л.С. Берг, Д.Н. Соболев, А.А. Любищев, С.В. Мейен и др.) считала недостаточной идею случайного характера изменчивости и активно развивала идеи направленности эволюции (ортогенеза, номогенеза) [Мейен, 2014, с. 2311–2349; Sharov, Igamberdiev, 2014, с. 67–73]. На ортогенетических позициях стояли и многие зарубежные авторы. К. Нэгели, Р. фон Келликер, Э. Коуп, А. Хаятт, К. фон Бэр и другие ученые также выявляли телеономические и иные, не случайные, закономерности изменчивости [Попов, 2003, с. 26–49]. Эти ученые для объяснения развития биологических организмов стали рассматривать их как *телеономные системы* или системы, которые «развиваются по собственным внутренним законам и, не имея самостоятельной цели развития, ведут себя так, будто она у них есть» [Мамчур, 2006].

В статье обосновывается, что ни дарвинизм (неodarвинизм), с его преобладающим естественным отбором и случайной мутацией генов, ни ортогенез, с

его идеей внутренней направленности процессов, не являются единственными моделями, *объясняющими изменчивость и направленность в эволюции*. Цель статьи состоит в дополнении этих двух крайних позиций *системным подходом*, в котором изменчивость определяется не только *внешними природными* факторами или *внутренними индивидуальными* факторами, но и взаимодействием самих биологических и социальных систем. В связи с этим задачами исследования являются разработка *системного* и *надьиндивидуального* подхода в объяснении движущих факторов эволюции и включение в сферу исследований эволюционной теории не только *индивидуальных физиологических изменений* (главный объект эмпирических исследований эволюционных биологов), но и крупных системных и организационных скачков, переходов и взаимодействий.

В первую очередь рассмотрим возможность *новой* интеграции разных эволюционных парадигм в единую (расширенную) синтетическую теорию эволюции, учитывающую системный подход.

Системно-динамический подход в эволюции

Предлагаемая интегративная модель эволюции основана на идее того, что на разных стадиях развития и в разных обстоятельствах задействуются различные механизмы эволюции, что и приводит к разрозненности моделей ее описания. В частности, естественный отбор, как определяющий фактор, преобладает в более жестких условиях, тех предельных ситуациях, когда речь идет о самом существовании особи или таксона, когда для развития есть «бутылочное горлышко» обстоятельств, где действительно выживает сильнейший.

С другой стороны, мир далеко не всегда развивается катастрофически. В рассуждениях необходимо ввести такую составляющую, как бесконечное разнообразие мира с римановыми «многомерно протяженными величинами». В более благоприятных оптимальных условиях окружающая среда предоставляет безграничные возможности, являясь уютной колыбелью для разнообразных форм существования биологических объектов: отлично адаптированные живые существа находят разнообразные возможности для образования комфортных ниш собственного развития.

Этот тезис соответствует представлению Т. Дикона, известного современного антрополога, о роли «расслабленного отбора», например, в происхождении языка. Лепетание младенцев вдохновило Т. Дикона на представление о свободной игре при воспроизведении звуков. Особенность ситуации – в низком уровне «давления» факторов среды; не ужесточение естественного отбора, а облегчение его привело к свободному, «игровому» развитию способности к языку. Дальнейшее развитие новых нейронных связей в процессе коммуникации – вопрос времени и дальнейшего взаимодействия.

Если рассмотреть в качестве движущего фактора случайные мутации генов, то они хорошо объясняют небольшие, градуалистичные эволюционные изменения (например, изменение окраски или формы листьев), но плохо объясняют революционные (пунктуалистические) трансформации, требующие радикальной (не случайной), массовой и направленной перестройки организмов на протяжении многих поколений (например, переход к половому размножению или появление крыльев у насекомых). Такие изменения лучше объясняются ортогенетическими (номогенетическими) моделями эволюции или другими теориями, представленными в «расширенном эволюционном синтезе» [Попов, 2003, с. 26–49; Noble, 2013, p. 1235–1243]. Важно также отметить, что существует определенный изоморфизм биологического и научного развития. Как показано Т. Куном, научное развитие также имеет эволюционные (градуалистичные, кумулятивные) и революционные фазы с полной сменой парадигмы развития [Кун, 1975; Яковлева, 2013, с. 96–98].

Наиболее значимый для статьи аспект, который плохо вписывается в дарвиновскую модель эволюции, – это системные (метасистемные, синергетические, организационные) переходы в эволюции – например, от одноклеточных к многоклеточным организмам или к эусоциальности. На необходимость разработки системного и синергетического подхода для описания этих эволюционных скачков указали К.С. Мережковский, В.Ф. Турчин, Дж.М. Смит, Э. Саттари, П.А. Корнинг, Н. Гонтье и другие исследователи [Turchin, 1977; Corning, 2020; Sukhoverkhov, Gontier, 2021].

Современные подходы к организмам как телеономным системам позволяют рассмотреть причины и механизмы изменчивости с точки зрения универсальных законов взаимодействия систем. Необходимо отметить, что на уровне системных взаимодействий ряд математиков исключают случайность, расценивая наш мир как жестко детерминированный, в котором любое событие вызывает цепную реакцию следствий, обусловленных предзаданными параметрами событий [Урманцев, 1974]. Всякую рассматриваемую систему, материальную или идеальную, он называет «объект-системой» и предлагает рассматривать ее как единицу рода, большое внимание уделяя проблемам изоморфизма и полиморфизма. Согласно Ю.А. Урманцеву, системный подход должен и может *дедуктивно* выявить «что должно быть, что может быть и чего быть не может» [там же, с. 51].

Для такого выявления системных факторов направленности эволюции в статье предлагается добавить в эволюционную биологию некоторые тезисы динамической онтологии – учения о бытии, которое позволило бы объяснить природу, причины и направления развития биологических и социальных систем.

Динамическая онтология, энтропия, гомеостаз

Динамическая, или процессуальная, онтология означает изучение того, как это мир меняется и эволюционирует, по какой траектории происходит реализация самоопределения системы в каждом конкретном случае [Данилова, Васильева, Кобякова, 2021; Process theories: crossdisciplinary..., 2003]. Динамическая онтология заменяет и дополняет онтологию субстанций онтологией процессов [Everything flows: towards..., 2018; Плотников, Исакова, Ембулаева, 2018]. Включение принципа изменчивости в обсуждения природы эволюции демонстрирует необходимость создания динамической модели бытия в отличие от привычной для биологов предметной (субстанциональной) модели. После классических онтологических моделей (Единого, Творения, Субъекта) достижениями постнеклассической философии являются онтология События «быть означает (всякий раз) быть иным», ситуационный подход (Н.М. Солдухо, И.И. Кобякова), системно-динамический подход.

Данное исследование предполагает, что направленность эволюции объясняется не только индивидуальными генетическими изменениями, но и взаимодействием индивидуальных и надиндивидуальных динамических систем. Живые организмы (телеономные системы) являются примером динамических систем, что дает обширную базу для рассуждений в русле динамической онтологии. Гносеологические концепции в рамках динамической онтологии знаменуют смещение акцентов со статических закономерностей на закономерности самого развития, когда рассматривается «стремление» к самоопределению саморазвивающихся систем в качестве наиболее естественного.

Динамическая онтология позволяет обсуждать один объект в понятиях разных наук, что соответствует ожиданиям известного эволюциониста Н. Тинбергена [Corning, 2020], или множество объектов с одной точки зрения (например, объединяя все биологические объекты по признаку телеономности). Кроме того, динамические связи – мягкие и лабильные, благодаря чему системы и способны к адаптации. На разных уровнях механизмы формирования направленности развития организмов и надиндивидуальных образований могут быть разными – в зависимости от преобладания процессов интеграции или дезинтеграции (почти количественная характеристика). В рамках предлагаемого исследования утверждается, что динамические взаимодействия на самом минимальном уровне не являются случайными, подчиняются универсальным принципам взаимодействия систем. К основным современным теориям, выявляющим такие общие принципы развития, можно отнести синергетику, кибернетику, теорию динамических систем, теорию развивающихся систем и ряд других.

В частности, теорией развивающихся систем показано, что биологические системы (в том числе и отдельные организмы) должны *изучаться как процессы*, а не как явления и вещи [Griffiths, Stotz, 2018, p. 225–245]. Такой подход требует не аналитической, но синтетической, процессуально-деятельностной

методологии. Действительно, структура и принцип функционирования живых и социальных системы напрямую обусловлены динамикой, неравновесностью, энтропией окружающего мира. Системы адаптируются к потоку изменений, поддерживают свой «гомеостаз», несмотря на смену условий. Такое приспособление проявляется и в физиологическом (в форме пластичности), и в познавательном плане (появление вероятностных, динамичных картин мира). Вслед за Н.Н. Талебом мы можем назвать это свойство систем – сохраняться и развиваться несмотря на окружающий хаос – антихрупкостью (*antifragile*) [Taleb, 2012]. Хаос – не антитеза мира, а его суть. Спонтанность, иррационализм, разнонаправленность создают основу эволюционного «творчества», но творчество создается не естественным отбором как таковым, но взаимодействием телеономных систем, решающих свои задачи (например, выживания).

Ценность системно-динамического подхода состоит в том, что он дает основание для обсуждения систем с точки зрения интернализма, внутренних потребностей живых биологических объектов, их телеономности. Биолог-эволюционист А.В. Марков сетует, что «теории систем так и не удалось вступить в продуктивный симбиоз с теорией эволюции» [Марков, 1342]. Однако такой симбиоз не произошел потому, что эволюция традиционно описывается по принципу: изменчивость, наследственность, отбор. Для осуществления научного синтеза в теорию эволюции необходимо привести интерналистский взгляд на развивающиеся биологические организмы, которые представляют собой системы, внутренние связи которых играют большую роль, чем возможные внешние взаимодействия.

Классическая изменчивость организмов наблюдается по второстепенным вопросам, а по ключевым, базовым вопросам имеет место «неизменное бытие всякой живой индивидуальности» [Вернадский, 1988, с. 139]. Живые организмы не просто случайно и пассивно меняются, они способны *активно* формировать собственное пространство и изменять окружающую среду согласно своим задачам, в связи с чем идея изменчивости в эволюции может быть дополнена идеей направленности. Кроме того, живые организмы являются открытыми системами, которые обмениваются с окружающей средой энергией и информацией, способны противостоять внешней и внутренней энтропии. Здесь обычно рассматриваются вопросы самоорганизации, первичного момента бифуркации (И.Р. Пригожин, Г. Хакен, Г. Николис), устойчивых и неустойчивых, равновесных и неравновесных систем. В этом контексте уместны рассуждения о самой большой антиэнтропийной загадке жизни: направленность и максимальная неравновесность становятся условием устойчивости, именно «диссимметрия творит явление» [Кравченко, 1998].

Момент самодетерминации, который сопряжен с уменьшением чувствительности к влиянию извне, требует особого внимания. С интерналистской точки зрения представления о неизбежном конфликте, конкуренции, борьбе за существование сильно преувеличены. Телеономные системы

внутренними усилиями и по внутренним законам создают свое положение в мире, для их спонтанной активности вопросы отношений с окружающей средой вторичны. Их поведение имеет свою стратегию, которая возникает естественным путем и «сознает» сферу своего влияния и свои возможности. На языке эволюционных биологов данный факт обозначается как преобладание стабилизирующего отбора над всеми остальными его формами (движущим, очищающим, дизруптивным) [Koonin, 2014, p. 357]. Таким образом, мы имеем дело с биологическими объектами как системами, которые обретают в среде (природной или социальной) множество оснований для внутреннего развития и становления новых индивидуальных свойств или видового разнообразия. Остановимся более подробно на проблеме того, какие положения общей теории динамических систем могут служить объяснительной базой для становления и развития биологических и социальных систем.

Взаимодействие систем и их роль в эволюции

Исследование предполагает, что формирование и взаимодействие динамических систем может быть описано следующими базовыми характеристиками: 1) сохранение целостности собственной структуры и устойчивых системных свойств; 2) усложнение и дифференциация структуры под влиянием внешних и внутренних факторов; 3) конвергенция и дивергенция разных систем; 4) синергетическое взаимодействие систем; 5) ограничение или удержание определенных свойств или направленности развития; 6) индивидуализация, самоопределение системы; и 7) пластичность. Разберем эти системные взаимодействия более подробно.

Как уже упоминалось, любая развивающаяся система сохраняет свою *целостность* в процессе онтогенеза. Известный в физхимии принцип Ле Шателье – Брауна является универсальным и распространен от механики до экономики и социологии: фиксированные отношения внутри системы будут сохраняться, оказывая противодействие внешнему воздействию. Звучит принцип так: внешнее воздействие, выводящее систему из равновесия, стимулирует в ней процессы, стремящиеся ослабить результаты этого воздействия [БСЭ, 1973, т. 24, с. 392]. Это означает, что система защищает постоянство своей среды и свои интересы, равновесное состояние внутри системы. Защита этой целостности приводит к усложнению и дифференциации структуры системы, в том числе к качественным скачкам (например, переходу от одноклеточных к многоклеточным организмам).

Помимо закона *дивергенции*, который Дарвин рассматривал как основную причину эволюции, в одном ряду с ним стоит закон *конвергенции*, который, как считал Ю. Урманцев, господствует над ним. Конвергенция может происходить только между «совозможными» (Лейбниц – Делез) интегрируемыми системами, которые взаимодействуют между собой с образованием новых систем, способных к дальнейшему развитию

[Делез, 2015]. Взаимодействие интегрируемых систем уже является ограничивающим фактором и направляющим процессом: на данном этапе также избираются подходящие для развития систем условия окружающей среды. В общей теории систем данный факт обозначен как принцип М. Сетрова: относительное свойство совместимости – условие взаимодействия между объектами [Сетров, 1971].

Более того, особенностью взаимодействия интегрируемых систем является *синергия* или *взаимодействие по резонансному типу*, что и создает прецедент надындивидуальных системных взаимодействий. В общей теории систем этот факт отмечен как явление, при котором суммирующий эффект взаимодействия двух или более факторов характеризуется тем, что их действие существенно превосходит эффект каждого отдельного компонента в виде их простой суммы [Жилин, 2004]. Однако подавляющее большинство систем в мире (и Анри Пуанкаре доказал это математически) являются невозможными (неинтегрируемыми) [Пригожин, 2003, с. 234]. В связи с этим именно дивергенция создает максимум возможностей и является дополнительной причиной системного разнообразия, выбора и усложнения их взаимодействий, построения ниш в многомерно протяженном (римановом) пространстве. В этом контексте большинство систем остаются *нейтральными* друг относительно друга и используют многомерность пространства и разнообразие природных условий для формирования собственных ниш. Интенционально, с точки зрения внутреннего становления, важны «осознание» телеономной системой своих сил, умение отступить, сохраняя за собой преимущества, или пребывать в сколь угодно долгом ожидании подходящих условий. Относительно живого организма это означает, что дилемма «соперничество или кооперация» имеет пренебрежимо малое значение для развития и взаимодействия систем с точки зрения их поиска оптимума для себя.

Важной характеристикой всех процессов развития является *ограничение (удержание, задержание)* – процесс сокращения избыточных степеней свободы, удержание системных признаков и свойств. У американского эволюциониста Д. Кемпбела есть емкая аббревиатура, которая выражает содержание такого эволюционного процесса: BVSR – blind variation (слепые вариации) и selected retention (избирательные сохранения) [Campbell, 1960]. Автор относил эту формулу к культурной эволюции, но она является универсальной и для биологических систем. Согласно системным свойствам, фиксируются определенные сочетания систем и ниш по принципу максимальной эффективности при минимальных затратах. Данный факт является объяснением эволюционных ограничений, которые обсуждались и дарвинистами, и сторонниками ортогенетических теорий [Попов, 2005]. В общей теории систем обнаруживается соответствие данному положению в форме «принципа прогрессирующей механизации» – способности системы формировать «строительные леса», связывающие пластичность системы, сдерживающие ее рост, ограничивая количество векторов развития [Богданов, 2003, с. 287].

Свойства *пластичности и экзаптации* демонстрируют способность систем не только к поддержанию гомеостаза, постоянства, но и к физиологической и функциональной реорганизации (адаптации) на основе *высокого качества обратной связи*. Это одно из базовых системных свойств «...внезапной мобилизуемости структурных элементов организма в соответствии с непрерывными функциональными требованиями, которые функция предъявляет к структуре. Под свойством мобилизуемости мы понимаем возможность моментального построения любых drobных комбинаций, обеспечивающих функциональной системе получение полезного приспособительного результата» [Анохин, 1975, с. 17–62]. По П.К. Анохину, благодаря этому свойству обеспечивается комфортное пребывание живых систем в неких средних параметрах *в разнообразных условиях* окружающей среды. Системам удается трансформировать себя, не рассыпаясь, а сохраняя основные характеристики.

И, наконец, неизбежным исходом развития систем в процессе эволюции является индивидуация [Фэроу, 2020; Gare, 2021]. Чем более дифференцирована и сложна система, тем больше времени и усилий требуется для ее становления, но суть от этого не меняется: принцип индивидуации – основа существования системы и процесса познания, что совпадает с *философской категорией особенного и разделения всеобщего*.

Таким образом, конвергенция и симбиотическая деятельность интегрируемых систем, дивергенция не-интегрируемых систем [Бейтсон, 2007], являясь адаптивными ограничениями собственных степеней свободы, создают возможности для реализации собственной спонтанности и освобождают пространство для выбора степеней свободы другими интегрируемыми системами. Избыточные степени свободы биологических объектов не только создают высокую адаптивную способность живых организмов, но и «дисциплинируют» посредством необходимости выбора, предпочтений. На эту проблему указывали русские исследователи А.А. Ухтомский и П.К. Анохин на уровне физиологических и психологических исследований [Ухтомский, 2002; Анохин, 1973].

Из других принципов общего взаимодействия систем можно отметить принцип моноцентризма (устойчивая система «характеризуется одним центром, а если она сложная, цепная, то у нее есть один высший, общий центр») [Богданов, 2003] и принцип актуализации функций М. Сетрова (существование систем обусловлено непрерывным становлением функций их элементов) [Сетров, 1971]. Системный центр *упорядочивает* процессы взаимодействия подсистем и элементов, внося *последовательность* в протекание этих процессов; именно на этом этапе у исследователя возникает соблазн поставить вопрос о возникновении понятия цели системы, хотя и этот системный центр делает не более того, что возможно в предлагаемых обстоятельствах (бриколаж Якобса).

Перечисленные свойства системной организации создают направленность и определенность эволюционного развития на всех иерархических

уровнях, от клетки до организма и сообществ. На наш взгляд, это явление должно быть встроено в теорию расширенного эволюционного синтеза в качестве одного из его фундаментальных положений. Также к этим новым (расширенным) фундаментальным принципам можно отнести *теорию экологических ниш*, связанную с активным преобразованием среды живыми организмами, и теорию негенетических (эпигенетических) систем наследования, в которой показано, что генетическая информация является не единственным источником наследственной информации, отвечающей за воспроизведение и кумулятивное развитие систем разного уровня [Суховерхов, 2014; Суховерхов, 2011; Beyond DNA: integrating..., 2011].

Заключение

Являясь необходимым звеном в комплексном изучении эволюционных процессов, системно-динамический подход может быть промежуточным звеном, мостом между экстерналистским и интерналистским взглядами на мир. Такой подход может содействовать непосредственному видению исследуемого объекта с точки зрения холизма, обнаружению общих принципов образования и взаимодействия систем, выявлению универсальных законов развития, которые характерны как для биологических, так и для социальных (научных) систем [Яковлева, 2020; Суховерхов, 2013].

Несмотря на теоретические сложности, возникающие в связи с внедрением интерналистских и системных подходов в объяснении видового и онтогенетического многообразия в природе, их включение в эволюционную теорию неизбежно. Такие свойства систем, как пластичность, мобилизуемость, сохранение нейтралитета и индивидуация, конвергенция интегрируемых и дивергенция неинтегрируемых систем, создают базовые основания для направленной изменчивости в эволюционных процессах. Выявление универсальных закономерностей во взаимоотношении систем позволит расширить представления и уточнить вербальные формулы (создать понятийный аппарат) для объяснения многообразия, сложности и направленности природных явлений, внесет необходимые дополнения в положения современного инклюзивного или расширенного эволюционного синтеза.

Список литературы

- Анохин П.К. Принципиальные вопросы общей теории функциональных систем. – 1973. – URL: <https://www.keldysh.ru/pages/BioCyber/RT/Functional.pdf>
Анохин П.К. Очерки по физиологии функциональных систем. – Москва : Медицина. – 1975. – 447 с.
Бейтсон Г. Разум и природа: неизбежное единство. – Москва : Комкнига, 2007. – 244 с.

- Богданов А.А. Тектология: всеобщая организационная наука. – Москва : Финансы, 2003. – 688 с. – С. 287.
- Большая советская энциклопедия. – Москва, 1973. – Т. 24. – С. 392.
- Вернадский В.И. Материалы к биографии / ред. И.И. Мочалов. – Москва : Молодая гвардия, 1988. – 352 с.
- Герасимов С.В., Тульчинский Г.Л. События как семантическая основа конструирования реальности: перспективы перехода к динамической онтологии // Слово.ру: Балтийский акцент. – 2018. – Т. 9, № 3. – С. 5–24.
- Данилова М.И., Васильева А.С., Кобякова И.И. Динамическая онтология: проблема предмета и метода исследования // Социология. – 2021. – № 2. – С. 238–244.
- Делез Ж. Лекции о Лейбнице 1980, 1986/87. – Москва : Ад Маргинем Пресс, 2015. – 376 с.
- Жилин Д.М. Теория систем. – Москва : УРСС, 2004. – 170 с.
- Ильин М.В. Движущие силы эволюции // МЕТОД : Московский ежегодник трудов из обществоведческих дисциплин. – 2021. – № 11. – С. 73–87.
- Исакова Н.В. Феномен глобальности в философии русского космизма : автореф. дис. ... канд. филос. наук / Кубанский госуниверситет. – Краснодар, 2004. – 23 с.
- Князева Е.Н., Алюшин А.Л. Big History: эволюционное мышление в глобальной перспективе // Век глобализации. – 2016. – № 3 (19). – С. 16–31.
- Кобякова И.И. Человек в постнеклассической онтологии: методологические аспекты анализа : дис. ... канд. филос. наук. – Краснодар, 2019. – 141 с.
- Кравченко Н.С. Принцип Кюри как регулирующий механизм эволюции в бифуркационных процессах // Философия науки. – 1998. – № 4. – С. 1–5.
- Кун Т. Структура научных революций. – Москва : Рипол Классик, 1975. – 320 с.
- Мамчур Е.А. Спонтанность и телеологизм // Спонтанность и детерминизм / В.В. Казютинский, Е.А. Мамчур, Ю.В. Сачков, А.Ю. Севальников [и др.] ; Ин-т философии РАН. – Москва : Наука, 2006. – С. 225–248.
- Марков А.В. Случайность или закономерность? Номогенетическая страничка. – URL: <https://www.evolbiol.ru/document/1342>
- Маркс К. Тезисы о Фейербахе // Маркс К., Энгельс Ф. Сочинения : в 50 т. – Москва : Госуд. изд-во полит. лит-ры, 1955. – Т. 3. – 629 с.
- Мейен С.В. Проблема направленности эволюции // Русский орнитологический журнал. – 2014. – Т. 23, № 1029. – С. 2311–2349.
- Николис Г., Пригожин И. Познание сложного. – Москва : Мир, 1990. – 344 с.
- Плотников В.В., Исакова Н.В., Ембулаева Л.С. Перспективы объединения проблемы времени и проблемы языка при определении онтологического содержания категории «процесс» // Контекст и рефлексия: философия о мире и человеке. – 2018. – Т. 7, № 2 А. – С. 114–122.
- Попов И.Ю. Ортогенез против дарвинизма. – Санкт-Петербург : Изд-во СПбГУ. – 2005. – 207 с.
- Попов И.Ю. Концепции направленной эволюции (ортогенез) // В тени дарвинизма. Альтернативные теории эволюции в XX веке. – Санкт-Петербург : Ясный день, 2003. – С. 26–49.
- Пригожин И., Стенгерс И. Порядок из хаоса: Новый диалог человека с природой. – Москва : Едиториал УРСС, 2003. – 312 с.
- Сетров М.И. Общие принципы организации систем и их методологическое значение. – Ленинград : Наука. – 1971. – 120 с.
- Спенсер Г. Синтетическая философия : пер. с англ. – Киев : Ника-Центр. – 1997. – 511 с.
- Суховерхов А.В. Общая теория биологической и социальной памяти: семиотический и процессуальный подходы // Политематический сетевой электронный научный журнал Кубанского государственного аграрного университета. – Краснодар : КубГАУ, 2011. – № 10 (74). – С. 1–17.

- Суховерхов А.В. Эволюционная теория: поиск новых парадигм // Политематический сетевой электронный научный журнал Кубанского государственного аграрного университета. – Краснодар : КубГАУ, 2014. – № 07 (101). – С. 1–24.
- Суховерхов А.В. Теория развивающихся систем и другие системные подходы в исследовании эволюции // Политематический сетевой электронный научный журнал Кубанского государственного аграрного университета. – Краснодар : КубГАУ, 2013. – № 88. – С. 672–692.
- Урманцев Ю.А. Симметрия природы и природа симметрии. Философские и естественнонаучные аспекты. – Москва, Мысль, 1974. – 229 с.
- Ухтомский А.А. Избранные труды. – Ленинград, 1978. – 235 с.
- Ухтомский А.А. Доминанта. Работы разных лет. – Санкт-Петербург : Питер, 2002. – 448 с.
- Фэрроу М. Эмергенция субъектности: атрибутирование качеств, феноменальный опыт и существование / пер. с англ. АД Борисова // МЕТОД : Московский ежегодник трудов из обществоведческих дисциплин. – 2020. – № 10. – С. 91–122.
- Яковлева Е.В. К вопросу о внешней и внутренней обусловленности эволюционных и революционных изменений в истории // Эпомен. – 2020. – № 41. – С. 127–137.
- Яковлева Е.В. Роль научных революций в формировании научной картины мира // Успехи современного естествознания. – 2013. – № 5. – С. 98.
- Beyond DNA: integrating inclusive inheritance into an extended theory of evolution / E. Danchin, A. Charmantier, F.A. Champagne, A. Mesoudi, B. Pujol, S. Blanchet // Nature reviews genetics. – 2011. – Vol. 12, N 7. – P. 475–486.
- Briggs D.E.G. The cambrian explosion // Current Biology. – 2015. – Vol. 25, N 19. – P. R864–R868.
- Calegari S., Sanchez E. A Fuzzy Ontology-Approach to improve Semantic Information Retrieval // URSW. – 2007. – Vol. 327. – P. 1–6.
- Campbell D.T. Blind variation and selective retentions in creative thought as in other knowledge processes // Psychological review. – 1960. – Vol. 67, N 6. – P. 380–400.
- Corning P.A. Beyond the modern synthesis: a framework for a more inclusive biological synthesis // Progress in Biophysics and Molecular Biology. – 2020. – Vol. 153. – P. 5–12.
- Everything flows: towards a processual philosophy of biology / D.J. Nicholson, J. Dupré (eds.). – Oxford : Oxford University Press, 2018. – 416 p.
- Gare A. Code biology and the problem of emergence // Biosystems. – 2021. – Vol. 208. – P. 104487.
- Griffiths P., Stotz K. Developmental systems theory as a process theory // Everything Flows: Towards a Processual. Philosophy of Biology / ed. by D. Nicholson, J. Dupré. – Oxford : Oxford University. – 2018. – P. 225–245.
- Guerrero-Bosagna C. Evolution with no reason: a neutral view on epigenetic changes, genomic variability, and evolutionary novelty // Bioscience. – 2017. – Vol. 67, N 5. – P. 469–476.
- Koonin E. The logic of chance. – Москва : Центрполиграф. – 2014. – 527 с.
- Noble D. Physiology is rocking the foundations of evolutionary biology // Experimental physiology. – 2013. – Vol. 98, N 8. – P. 1235–1243.
- Process theories: crossdisciplinary studies in dynamic categories / J. Seibt (ed.). – Dordrecht : Kluwer Academic, 2003. – 359 p.
- Sharov A.A. Towards a Biosemiotic Theory of Evolution // Biosemiotics. – 2021. – Vol. 14, N 1. – P. 101–105.
- Sharov A.A., Igamberdiev A.U. Inferring directions of evolution from patterns of variation: the legacy of Sergei Meyen // BioSystems. – 2014. – Vol. 123. – P. 67–73.
- Smith J.M., Szathmary E. The Major Transitions in Evolution. – Oxford : Oxford University Press. – 1997. – 360 p.
- Sukhoverkhov A.V., Gontier N. Non-genetic inheritance: evolution above the organismal level // Biosystems. – 2021. – Vol. 200. – P. 104–325.

Taleb N.N. Antifragile: how to live in a world we don't understand. – London : Allen Lane, 2012. – 519 p.

Turchin V. The Phenomenon of Science: A Cybernetic Approach to Human Evolution. – New York : Columbia University Press, 1977. – 348 p.

Irina Kobyakova¹, Anton Sukhoverkhov²
**The Origin, Development and Interaction of Systems
as a Driving Force of Evolution**

Abstract. The article considers the internal and external interactions of teleonomic systems and their impact on the mechanisms and vectors of evolution. The main theoretical and methodological principles of the article are based on the theory of dynamic or process ontology, which replaces the ontology of sub-stances (objects) with the ontology of processes. The work is aimed at developing the concepts of extended evolutionary synthesis by including in the field of biological research the key principles of dynamic ontology and idea of teleonomic nature of biological systems. The work distinguishes the following types of internal and external interactions that determine and direct the evolutionary development of systems: 1) the maintenance of structural integrity and stable properties of system; 2) development of complexity and differentiation of the structure; 3) convergence and divergence of various systems; 4) synergistic interaction; 5) constraining; 6) individualization; and 7) plasticity. It is argued that the interaction of systems can be considered as one of the fundamental factors of evolution along with gene mutation, natural selection, ecological niche construction and non-genetic inheritance systems.

Keywords: extended evolutionary synthesis; developmental systems theory; teleonomy; dynamic ontology; theory of evolution.

For citation: Kobyakova I., Sukhoverkhov S. (2022). The Origin, Development and Interaction of Systems as a Driving Force of Evolution. *METHOD: Moscow Quarterly Journal of Social Studies*, 2 (4), P. 7–27. <http://www.doi.org/10.31249/metodquarterly/02.04.01>

References

- Anokhin, P.K. (1973). Fundamental issues of the general theory of functional systems. (In Russ.) Mode of access: <http://www.raai.org/library/books/anokhin/anokhin.htm>
- Anokhin, P.K. (1975). Essays on the physiology of functional systems. Moscow, 17–62. (In Russ.)
- Bateson, G. (2007). Mind and nature are an inescapable unity. Moscow: Komkniga. (In Russ.)
- Bogdanov, A.A. (2003). Tektologiya: General Organizational Science Moscow: «Financy». 287 p. (In Russ.)
- Briggs, D.E.G. (2015). The cambrian explosion. *Current Biology*, 25 (19), R864–R868.
- Calegari, S., Sanchez, E. (2007). A Fuzzy Ontology-Approach to improve Semantic Information Retrieval. *URSW*, 327, 1–6.

¹ **Irina Kobyakova**, Candidate of Philosophical Sciences, researcher at the Department of Philosophy, Kuban State Agrarian University, Krasnodar, Russia, e-mail: philos09@mail.ru

² **Anton Sukhoverkhov**, Candidate of Philosophical Sciences, Associate Professor, Department of Philosophy Kuban State Agrarian University, Krasnodar, Russia, e-mail: sukhoverkhov.ksau@gmail.com

- Campbell, D.T. (1960). Blind variation and selective retentions in creative thought as in other knowledge processes. *Psychological review*, 67 (6), 380–400.
- Corning, P.A. (2020). Beyond the modern synthesis: A framework for a more inclusive biological synthesis. *Progress in Biophysics and Molecular Biology*, 153, 5–12.
- Danchin, E., Charmantier, A., Champagne, F.A., Mesoudi, A., Pujol, B., Blanchet, S., (2011). Beyond DNA: integrating inclusive inheritance into an extended theory of evolution. *Nature reviews genetics*, 12 (7), 475–486.
- Danilova, M.I., Vasil'eva, A.S., Kobyakova, I.I. (2021). Dynamic ontology: the problem of the subject and method of research. *Sociology*, 2, 238–244. (In Russ.)
- Deleuze, G. (2015). *Lectures on Leibniz 1980, 1986/87*. Moscow: Ad Marginem Press. 376 p. (In Russ.)
- Gare, A. (2021). Code biology and the problem of emergence. *Biosystems*, 208, 104487.
- Gerasimov, S.V., Tul'chinsky, G.L. (2018). Events as a semantic basis for constructing reality: prospects for the transition to dynamic ontology. *Slovo.ru: Baltijsky accent*, 9 (3), 5–24. (In Russ.)
- Griffiths, P., Stotz, K. (2018). Developmental systems theory as a process theory. In: *Everything Flows: Towards a Processual Philosophy of Biology*, ed. by D. Nicholson, and J. Dupré. Oxford University, pp. 225–245.
- Guerrero-Bosagna, C. (2017). Evolution with no reason: a neutral view on epigenetic changes, genomic variability, and evolutionary novelty. *Bioscience*, 67 (5), 469–476.
- Ilyin, M.V. (2021). The driving forces of evolution. *METHOD: Moscow Yearbook of works from social sciences disciplines*, 11, 73–87. (In Russ.)
- Isakova, N.V. (2004). The phenomenon of globality in the Philosophy of Russian Cosmism. Abstract of the Cand. of philosophical Sciences, KubSAU. (In Russ.)
- Knyazeva, E.N., Alyushin, A.L. (2016). Big History: evolutionary thinking in a global perspective. *The age of globalization*, 3 (19), 16–31. (In Russ.)
- Kobyakova, I.I. (2019). *Man in Post-non-classical Ontology: methodological aspects of analysis*. I.I. Kobyakova. Dissertation of the Cand. of Philosophical Sciences. 141 p. (In Russ.)
- Koonin, E. (2014). *The logic of chance*. Moscow: Centerpoligraph. 527 p. (In Russ.)
- Kravchenko, N.S. (1998). The Curie principle as a regulating mechanism of evolution in bifurcation processes. *Philosophy of Science*, 4, 1–5. (In Russ.)
- Kun, T. (1975). *The structure of scientific revolutions*. Ripol Klassik. (In Russ.)
- Mamchur, E.A. (2006). Spontaneity and teleologism. In: *Spontaneity and determinism*. Moscow. pp. 225–248. (In Russ.)
- Markov, A.V. Randomness or regularity? Nomogenetic page. (In Russ.). Mode of access: <https://www.evolbiol.ru/document/1342>
- Marx, K. (1955). *Theses on Feuerbach*. In: *Marx, K., Engels, F. Essays: in 50 vols. Vol. 3*. Moscow: Gosud. publishing house polit. Liter. 629 p.
- Mejen, S.V. (2014). The problem of the direction of evolution. *Russian Ornithological Journal*, 23 (1029), 2311–2349. (In Russ.)
- Nicholson, D.J., Dupré, J. (2018). (Eds.). *Everything flows: towards a processual philosophy of biology*. Oxford University Press. 416 p.
- Nikolis, G., Prigozhin, I. (1990). *Exploring Complexity*. Moscow: Mir. 344 p.
- Noble, D. (2013). Physiology is rocking the foundations of evolutionary biology. *Experimental physiology*, 98 (8), 1235–1243.
- Pharoah, M. (2020). The Emergence of Qualitative Attribution, Phenomenal Experience and Being. *METHOD: Moscow Yearbook of Social Studies*, 10, P.91–122. <http://www.doi.org/10.31249/metod/2020.10.04>. (In Russ.)
- Plotnikov, V.V., Isakova, N.V., Embulaeva, L.S. (2018). Prospects of combining the problem of time and the problem of language in determining the ontological content of the category “process”. *Context and reflection: philosophy about the world and man*, 7 (2A), 114. (In Russ.)

- Popov, I.U. (2003). Concepts of directed evolution (orthogenesis). In: In the shadow of Darwinism. Alternative theories of evolution in the twentieth century. St. Petersburg, pp. 26–49. (In Russ.)
- Popov, I.U. (2005). Ortogenesis vs darvinizm. St. Petersburg: Ed. SPbSU. 207 p. (In Russ.)
- Prigozhin, I., Stengers, I. (2003). Order Out of Chaos: Man's New Dialogue with Nature. Moscow: Editorial URSS. 312 p. (In Russ.)
- Seibt, J. (2003). (Ed.) Process theories: Crossdisciplinary studies in dynamic categories. Dordrecht: Kluwer Academic. 359 p.
- Setrov, M.I. (1971). General principles of the organization of systems and their methodological significance. Leningrad. 120 p. (In Russ.)
- Sharov, A.A. (2021). Towards a Biosemiotic Theory of Evolution. *Biosemiotics*, 14 (1), 101–105.
- Sharov, A.A., Igamberdiev, A.U. (2014). Inferring directions of evolution from patterns of variation: The legacy of Sergei Meyen. *BioSystems*, 123, 67–73.
- Smith, J.M., Szathmary, E. (1997). *The Major Transitions in Evolution*. Oxford University Press. 360 p.
- Spenser, G. (1997). *Synthetic philosophy*. Kiev: Nika-Centr. 511 p. (In Russ.)
- Sukhoverkhov, A.V. (2011). General theory of biological and social memory: semiotic and procedural approaches. *Polythematic online scientific journal of Kuban State Agrarian University*. Krasnodar: KubSAU, 10 (74), 1–17. (In Russ.)
- Sukhoverkhov, A.V. (2013) Theory of developing systems and other systemic approaches in the study of evolution. *Polythematic online scientific journal of Kuban State Agrarian University*, 88 (4), 1–21.
- Sukhoverkhov, A.V. (2014). Evolutionary theory: the search for new paradigms. *Polythematic online scientific journal of Kuban State Agrarian University*. Krasnodar: KubSAU, 07 (101), 1–24. (In Russ.)
- Sukhoverkhov, A.V., Gontier, N. (2021). Non-genetic inheritance: Evolution above the organismal level. *Biosystems*, 200, 104325.
- Taleb, N.N. (2012). *Antifragile: how to live in a world we don't understand*. London: Allen Lane. 519 p.
- The great Soviet encyclopedia (1973). Vol. 24. Moscow.
- Turchin, V. (1977). *The Phenomenon of Science: A Cybernetic Approach to Human Evolution*. Columbia University Press, New York. 348 p.
- Ukhtomsky, A.A. (2002). *Dominant. Works of different years*. St.-Petersburg: Piter. (In Russ.)
- Ukhtomsky, A.A. (1978). *Selected works*. Leningrad. 235 p. (In Russ.)
- Urmancev, Yu.A. (1974). Symmetry of nature and the nature of symmetry. *Philosophical and scientific aspects*. Moscow, "Mysl". 229 p. (In Russ.)
- Vernadsky, V.I. (1988) *Materials for the biography*. Ed. by I.I. Mochalov. Moscow: Molodaya gvardiya. 352 p.
- Yakovleva, E.V. (2013) The role of scientific revolutions in shaping the scientific picture of the world. *Successes of modern natural science*, 5, 98. (In Russ.)
- Yakovleva, E.V. (2020). On the question of the external and internal conditionality of evolutionary and revolutionary changes in history. *Epomen*, 41, 127–137. (In Russ.)
- Zhilin, D.M. (2004). *Systems theory*. Moscow: URSS. 183 p. (In Russ.)

Принц Р.¹

**База данных код-биологии.
Список биологических кодов**

Для цитирования: Принц Р. База данных код-биологии. Список биологических кодов МЕТОД : московский ежеквартальник трудов из обществоведческих дисциплин: ежеквартал. науч. изд. / под ред. М.В. Ильина ; ИНИОН РАН, центр перспект. методологий соц.-гуманит. исследований. – М., 2022. – Вып. 12. – Т. 2, № 4. – С. 21–101. – URL: <http://www.doi.org/10.31249/metodquarterly/02.04.02>

- Acoustic code / акустический код
 - Farina, A. and N. Pieretti (2014). “Acoustic Codes in Action in a Soundscape Context.” *Biosemiotics* 7 (2): 321–328.
 - Malavasi, R., K. Kull and A. Farina (2014). “The Acoustic Codes: How Animal Sign Processes Create Sound-Topes and Consortia via Conflict Avoidance.” *Biosemiotics* 7 (1): 89–95.
 - Farina, A. (2019). “Acoustic codes from a rural sanctuary: How ecoacoustic events operate across a landscape scale.” *Biosystems* 183: 103986.
- Actin code / актиновый код
 - Vedula, P. and A. Kashina (2018). “The makings of the 'actin code': regulation of actin's biological function at the amino acid and nucleotide level.” *J Cell Sci* 131(9).
- Adenylation code / код адениляции белков
 - Stachelhaus, T., H.D. Mootz and M.A. Marahiel (1999). “The specificity-conferring code of adenylation domains in nonribosomal peptide synthetases.” *Chem Biol* 6 (8): 493–505.
 - Davis, R. and Y. Shi (2014). “The polyadenylation code: a unified model for the regulation of mRNA alternative polyadenylation.” *J Zhejiang UnivSci B* 15 (5): 429–437.
 - Zhang, F., Y. Wang, Q. Jiang, Q. Chen, L. Karthik, Y.-L. Zhao and Z. Li (2018). “Substrate selection of adenylation domains for nonribosomal

¹ Роберт Принц, Rechenkraft.net e.V., Марбург, Германия, e-mail: robert-prinz@web.de
© International Society of Code Biology <https://www.codebiology.org>

peptide synthetase (NRPS) in bacillamide C biosynthesis by marine *Bacillus atrophaeus* C89.” *Journal of Industrial Microbiology & Biotechnology* 45 (5): 335–344.

- Adhesion code / код адгезии клеток
 - Redies, C. and M. Takeichi (1996). “Cadherins in the developing central nervous system: an adhesive code for segmental and functional subdivisions.” *Dev Biol* 180 (2): 413–423.
 - Shapiro, L. and D.R. Colman (1999). “The diversity of cadherins and implications for a synaptic adhesive code in the CNS.” *Neuron* 23 (3): 427–430.
 - Faria, M. (2018). “Aggregating, polarizing, networking – The evolution of cell adhesion codes.” *Biosystems* 164: 60–67.
 - Tsai, T.Y., M. Sikora, P. Xia, T. Colak-Champollion, H. Knaut, C.P. Heisenberg and S.G. Megason (2020). “An adhesion code ensures robust pattern formation during tissue morphogenesis.” *Science* 370 (6512): 113–116.
- Allosteric code / аллостерический код
 - Daugherty, M.A., M.A. Shea, J.A. Johnson, V.J. LiCata, G.J. Turner and G.K. Ackers (1991). “Identification of the intermediate allosteric species in human hemoglobin reveals a molecular code for cooperative switching.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 88 (4): 1110–1114.
 - Goldbeck, R.A., R.M. Esquerra, D.S. Kliger, J.M. Holt and G.K. Ackers (2004). “The molecular code for hemoglobin allostery revealed by linking the thermodynamics and kinetics of quaternary structural change. 2. Cooperative free energies of (alphaFeCObetaFe) 2 and (alphaFebetaFeCO) 2 T-state tetramers.” *Biochemistry* 43 (38): 12065–12080.
 - Armour-Garb, I., I.S. M. Han, B.S. Cowan and K.M. Thayer (2022). “Variable Regions of p53 Isoforms Allosterically Hard Code DNA Interaction.” *J Phys Chem B*.
- Angiotensin code / ангиотензинный код
 - Sadybekov, A. and V. Katritch (2020). “Breaking the Enigma Code of Angiotensin II Type 2 Receptor Signaling.” *Structure* 28 (4): 390–392.
- Antibiotic resistance code / код устойчивости к антибиотикам
 - Lo, S.W., N. Kumar and N.E. Wheeler (2018). “Breaking the code of antibiotic resistance.” *Nat Rev Microbiol* 16 (5): 262.
- Apoptosis code / код апоптоза
 - Basañez, G. and J.M. Hardwick (2008). “Unravelling the bcl-2 apoptosis code with a simple model system.” *PLoS Biol* 6 (6): e154.
 - Füllgrabe, J., N. Hajji and B. Joseph (2010). “Cracking the death code: apoptosis-related histone modifications.” *Cell Death Differ* 17 (8): 1238–1243.
 - Biermann, M., C. Maueröder, J.M. Brauner, R. Chaurio, C. Janko, M. Herrmann and L.E. Muñoz (2013). “Surface code-biophysical signals for apoptotic cell clearance.” *Phys Biol* 10 (6): 065007.
 - Shih, H.C., M. El-Shazly, Y.S. Juan, C.Y. Chang, J.H. Su, Y.C. Chen, S.P. Shih, H.M. Chen, Y.C. Wu and M.C. Lu (2014). “Cracking the cytotoxicity

- code: apoptotic induction of 10- acetylirciformonin B is mediated through ROS generation and mitochondrial dysfunction.” *Mar Drugs* 12 (5): 3072–3090.
- Wook Choi, D. and C. Yong Choi (2014). “HIPK2 modification code for cell death and survival.” *Mol Cell Oncol* 1 (2): e955999.
 - Jiang, S., Y. Liu, B. Xu, Y. Zhang and M. Yang (2020). “Noncoding RNAs: New regulatory code in chondrocyte apoptosis and autophagy.” *Wiley Interdiscip Rev RNA* 11 (4): e1584.
 - Rothlin, C.V. and S. Ghosh (2020). “Cracking the Cell Death Code.” *Cold Spring Harb Perspect Biol* 12 (5).
 - Archetype codes / код архетипа
 - Major, J.C. (2021). “Archetypes and code biology.” *Biosystems* 208: 104501.
 - Area code / зональный код
 - Hood, L., H.V. Huang and W.J. Dreyer (1977). “The area-code hypothesis: The immune system provides clues to understanding the genetic and molecular basis of cell recognition during development.” *Journal of Supramolecular Structure* 7 (3–4): 531–559.
 - Springer, T.A. (1993). “Signals on endothelium for lymphocyte recirculation and leukocyte emigration: the area code paradigm.” *Harvey Lect* 89: 53–103.
 - Dreyer, W.J. (1998). “The area code hypothesis revisited: olfactory receptors and other related transmembrane receptors may function as the last digits in a cell surface code for assembling embryos.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 95 (16): 9072–9077.
 - Liu, C.Y. (2020). “ β 7 Gives Tregs a Gut Area Code.” *Cell Mol Gastroenterol Hepatol* 9 (3): 543–544.
 - Arrestin code / код аррестина
 - Draper-Joyce, C.J. and A. Christopoulos (2018). “Strength in numbers-an arrestin interaction code.” *Nat Struct Mol Biol* 25 (6): 437–439.
 - Assembly code / код сборки
 - Shelton, C.L., D.G. Conrady and A.B. Herr (2017). “Functional consequences of B-repeat sequence variation in the staphylococcal biofilm protein Aap: deciphering the assembly code.” *Biochem J* 474 (3): 427–443.
 - Auxin code / ауксиновый код
 - Campos, M.L. (2021). “Breaking the code of auxin metabolism: an additional role for DIOXYGENASE FOR AUXIN OXIDATION 1.” *Plant Physiol* 187 (1): 7–8.
 - Axon guidance code / код направления (пути) аксона
 - Goodhill, G.J. (2003). “A theoretical model of axon guidance by the Robo code.” *Neural Comput* 15 (3): 549–564.
 - Kinrade, E.F. and A. Hidalgo (2004). “Lateral neuron–glia interactions steer the response of axons to the Robo code.” *Neuron Glia Biol* 1 (2): 101–112.

- Shirasaki, R., J.W. Lewcock, K. Lettieri and S.L. Pfaff (2006). “FGF as a target-derived chemoattractant for developing motor axons genetically programmed by the LIM code.” *Neuron* 50 (6): 841–853.
- Zarin, A.A., A.C. Daly, J. Hülsmeier, J. Asadzadeh and J.P. Labrador (2012). “A GATA/homeodomain transcriptional code regulates axon guidance through the Unc-5 receptor.” *Development* 139 (10): 1798–1805.
- Kohl, A., T. Marquardt, A. Klar and D. Sela-Donenfeld (2015). “Control of axon guidance and neurotransmitter phenotype of dBl hindbrain interneurons by Lim-HD code.” *J Neurosci* 35 (6): 2596–2611.
- BAFF code / код В-клеточного активирующего фактора
- Mackay, F. and P. Schneider (2009). “Cracking the BAFF code.” *Nat Rev Immunol* 9 (7): 491–502.
- Bile code / желчный код
- Gadaleta, R.M., M. Cariello, L. Crudele and A. Moschetta (2022). “Bile Salt Hydrolase- Competent Probiotics in the Management of IBD: Unlocking the ‘Bile Acid Code’.” *Nutrients* 14 (15).
- Binaural code / бинауральный код
- Encke, J. and M. Dietz (2022). “A hemispheric two-channel code accounts for binaural unmasking in humans.” *CommunBiol* 5 (1): 1122.
- Bioelectric code / биоэлектрический код
- Tseng, A. and M. Levin (2013). “Cracking the bioelectric code: Probing endogenous ionic controls of pattern formation.” *Commun Integr Biol* 6 (1): e22595.
- Levin, M. and C.J. Martyniuk (2018). “The bioelectric code: An ancient computational medium for dynamic control of growth and form.” *Biosystems* 164: 76–93.
- Silver, B.B. and C.M. Nelson (2018). “The Bioelectric Code: Reprogramming Cancer and Aging From the Interface of Mechanical and Chemical Microenvironments.” *Front Cell Dev Biol* 6: 21.
- Biosynthetic code / биосинтетический код
- Xu, Z., M. Baunach, L. Ding, H. Peng, J. Franke and C. Hertweck (2014). “Biosynthetic code for divergolide assembly in a bacterial mangrove endophyte.” *Chembiochem* 15 (9): 1274–1279.
- Body plan code / код строения организма
- Elder D (1979) An epigenetic code. *Differentiation*, 14, 119–122.
- Brain code / мозговой код
- Rosenberg, R.N. (2021). “The universal brain code a genetic mechanism for memory.” *J Neurol Sci* 429: 118073.
- Cadherin code / кадгериновый код
- Pearson, Caroline A., Samantha J. Butler and Bennett G. Novitch (2014). “Neuronal Organization: Unsticking the Cadherin Code.” *Current Biology* 24 (23): R1127-R1129.

- Canzio, D. and T. Maniatis (2019). “The generation of a protocadherin cell-surface recognition code for neural circuit assembly.” *Curr Opin Neurobiol* 59: 213–220.
- Bao, M., J. Cornwall-Scoones, E. Sanchez-Vasquez, D.Y. Chen, J. De Jonghe, S. Shadkhoo, F. Hollfelder, M. Thomson, D.M. Glover and M. Zernicka-Goetz (2022). “Stem cell-derived synthetic embryos self-assemble by exploiting cadherin codes and cortical tension.” *Nat Cell Biol* 24 (9): 1341–1349.
- Calcium code / код кальция
 - Thomine, S. (2001). “Cracking the calcium code.” *Trends Plant Sci* (11): 501.
 - Allen, G.J. and J.I. Schroeder (2001). “Combining genetics and cell biology to crack the code of plant cell calcium signaling.” *Sci STKE* 2001 (102): re13.
 - Mauro, T. (2003). “‘The discovery channel’: CRAC’king the code of calcium influx.” *J Invest Dermatol* 121 (1): Ix-x.
 - Parekh, A.B. (2006). “Cell biology: cracking the calcium entry code.” *Nature* 441 (7090): 163–165.
 - DeFalco, T.A., K.W. Bender and W.A. Snedden (2009). “Breaking the code: Ca²⁺ sensors in plant signalling.” *Biochem J* 425 (1): 27–40.
 - Haiech, J. and M. Moreau (2011). “The calcium signal: a universal carrier to code, decode and transduce information.” *Biochimie* 93 (12): v.
 - Covelo, A., A. Badoual and A. Denizot (2022). “Reinforcing Interdisciplinary Collaborations to Unravel the Astrocyte ‘Calcium Code’.” *J Mol Neurosci* 72 (7): 1443–1455.
 - Cancer code / код рака
 - Altarac, S. (1993). “Numerical quadruplet code of human cervical carcinoma tissue proteins.” *Acta Med Croatica* 47 (2): 85–87.
 - Smith, L.T., G.A. Otterson and C. Plass (2007). “Unraveling the epigenetic code of cancer for therapy.” *Trends Genet* 23 (9): 449–456.
 - Ozawa, M.G., M. Cardó-Vila, P.J. Mintz, W. Arap and R. Pasqualini (2010). “Cracking the code for compartment-specific dual functionality proteins in cancer: the case for CRKL.” *Cell Cycle* 9 (1): 8–9
 - Brower, V. (2011). “Epigenetics: Unravelling the cancer code.” *Nature* 471 (7339): S12–13.
 - New, M., H. Olzscha and N.B. La Thangue (2012). “HDAC inhibitor-based therapies: can we interpret the code?” *Mol Oncol* 6 (6): 637–656.
 - Blancafort, P., J. Jin and S. Frye (2013). “Writing and rewriting the epigenetic code of cancer cells: from engineered proteins to small molecules.” *Mol Pharmacol* 83 (3): 563–576.
 - Karpathakis, A., H. Dibra and C. Thirlwell (2013). “Neuroendocrine tumours: cracking the epigenetic code.” *Endocr Relat Cancer* 20 (3): R65–82.
 - Sato, K., T. Hara and M. Ohya (2013). “The code structure of the p53 DNA-binding domain and the prognosis of breast cancer patients.” *Bioinformatics* 29 (22): 2822–2825.

- Kulkarni, R.A. and J.L. Meier (2014). “Chemical cryptology of cancer's histone code.” *Chem Biol* 21 (11): 1419–1421.
- Lomber, G.A. and R. Urrutia (2015). “The Triple-Code Model for Pancreatic Cancer: Cross Talk Among Genetics, Epigenetics, and Nuclear Structure.” *Surg Clin North Am* 95 (5): 935–952.
- Roschewski, M. and W.H. Wilson (2015). “Cracking the diverse biologic code of diffuse large B-cell lymphoma.” *Semin Hematol* 52 (2): 55–56
- Bonci, D., V. Coppola, M. Patrizii, A. Addario, A. Cannistraci, F. Francescangeli, R. Pecci, G. Muto, D. Collura, R. Bedini, A. Zeuner, M. Valtieri, S. Sentinelli, M.S. Benassi, M. Gallucci, P. Carlini, S. Piccolo and R. De Maria (2016). “A microRNA code for prostate cancer metastasis.” *Oncogene* 35 (9): 1180–1192.
- Qiao, H. and C.M. Lovly (2016). “Cracking the Code of Resistance across Multiple Lines of ALK Inhibitor Therapy in Lung Cancer.” *Cancer Discov* 6 (10): 1084–1086.
- Søreide, K., M.M. Watson and H.R. Hagland (2016). “Deciphering the Molecular Code to Colorectal Liver Metastasis Biology Through Microsatellite Alterations and Allelic Loss: The Good, the Bad, and the Ugly.” *Gastroenterology* 150 (4): 811–814.
- Lucas, C. (2017). “Cracking the cancer code: a personalised genomic approach.” *Lancet Oncol* 18 (6): 717.
- Yotsukura, S., M. Karasuyama, I. Takigawa and H. Mamitsuka (2017). “Exploring phenotype patterns of breast cancer within somatic mutations: a modicum in the intrinsic code.” *Brief Bioinform* 18 (4): 619–633.
- Rodríguez, E., S.T. T. Schettters and Y. van Kooyk (2018). “The tumour glyco-code as a novel immune checkpoint for immunotherapy.” *Nat Rev Immunol* 18 (3): 204–211.
- Lopes, N., V.G. Correia, A.S. Palma and C. Brito (2021). “Cracking the Breast Cancer Glyco-Code through Glycan-Lectin Interactions: Targeting Immunosuppressive Macrophages.” *Int J Mol Sci* 22 (4).
- Xia, Z., N. Kon, A.P. Gu, O. Tavana and W. Gu (2022). “Deciphering the acetylation code of p53 in transcription regulation and tumor suppression.” *Oncogene* 41 (22): 3039–3050.
- Cell access code / код доступа к клетке
- Zengel, J. and J.E. Carette (2020). “Cracking the cell access code for the deadly virus VEEV.” *Nature* 588 (7837): 223–224.
- Cell surface code / код липкости поверхности клетки
- Mountoufaris, G., D. Canzio, C.L. Nwakeze, W.V. Chen and T. Maniatis (2018). “Writing, Reading, and Translating the Clustered Protocadherin Cell Surface Recognition Code for Neural Circuit Assembly.” *Annu Rev Cell Dev Biol* 34: 471–493.
- Cell wall code / код клеточной стенки
- Tavares, E.Q. and M.S. Buckeridge (2015). “Do plant cell walls have a code?” *Plant Sci* 241: 286–294.

- Cerebral resistance code / код церебральной устойчивости
 - Sharma, A. and R. Goyal (2016). “Cross tolerance: a tread to decipher the code of endogenous global cerebral resistance.” *Neural Regen Res* 11 (5): 719–720.
 - Chaperone code / код молекулярного шаперона
 - Cloutier, P. and B. Coulombe (2013). “Regulation of molecular chaperones through post-translational modifications: decrypting the chaperone code.” *Biochim Biophys Acta* 1829 (5): 443–454.
 - Nitika and A.W. Truman (2017). “Cracking the Chaperone Code: Cellular Roles for Hsp70 Phosphorylation.” *Trends Biochem Sci* 42 (12): 932–935.
 - Backe, S.J., R.A. Sager, M.R. Woodford, A.M. Makedon and M. Mollapour (2020). “Post-translational modifications of Hsp90 and translating the chaperone code.” *J Biol Chem* 295 (32): 11099–11117.
 - Nitika, C.M. Porter, A.W. Truman and M.C. Truttmann (2020). “Post-translational modifications of Hsp70 family proteins: Expanding the chaperone code.” *J Biol Chem* 295 (31): 10689–10708.
 - Truman, A.W., D. Bourboulia and M. Mollapour (2021). “Decrypting the chaperone code.” *J Biol Chem* 296: 100293.
 - Woodford, M.R., S.J. Backe, L.A. Wengert, D.M. Dunn, D. Bourboulia and M. Mollapour (2021). “Hsp90 chaperone code and the tumor suppressor VHL cooperatively regulate the mitotic checkpoint.” *Cell Stress Chaperones* 26 (6): 965–971.
 - Checkpoint code / код контрольной точки
 - Zeng, P., J. Ma, R. Yang and Y.C. Liu (2017). “Immune Regulation by Ubiquitin Tagging as Checkpoint Code.” *Curr Top Microbiol Immunol* 410: 215–248.
 - Chitin code / ХИТИНОВЫЙ КОД
 - Khokhani, D., C. Carrera Carriel, S. Vayla, T.B. Irving, C. Stonoharther, N.P. Keller and J.M. Ané (2021). “Deciphering the Chitin Code in Plant Symbiosis, Defense, and Microbial Networks.” *Annu Rev Microbiol* 75: 583–607.
 - Chromosome code / код хромосомы
 - Artandi, S.E. and J.P. Cooper (2009). “Reverse transcribing the code for chromosome stability.” *Mol Cell* 36 (5): 715–719.
 - Kiyomitsu, T. and I.M. Cheeseman (2012). “Chromosome- and spindle-pole-derived signals generate an intrinsic code for spindle position and orientation.” *Nat Cell Biol* 14 (3): 311–317.
 - Podgornaya, O., E. Gavrilova, V. Stephanova, S. Demin and A. Komissarov (2013). “Large tandem repeats make up the chromosome bar code: a hypothesis.” *Adv Protein Chem Struct Biol* 90: 1–30.
 - Circadian codes / циркадный код
 - Arjona, A. and D.K. Sarkar (2008). “Are Circadian Rhythms the Code of Hypothalamic-Immune Communication? Insights from Natural Killer Cells.” *Neurochemical Research* 33 (4): 708–718.

- He, W., K. Kraus, D. Druzd, A. de Juan, L. Ince, C.-S. Chen and C. Scheiermann (2017). “A circadian zip code determines rhythmic leukocyte trafficking to tissues.” *The FASEB Journal* 31 (S1): 55.54–55.54.
- Wang, B., A.N. Kettenbach, X. Zhou, J.J. Loros and J.C. Dunlap (2019). “The Phospho- Code Determining Circadian Feedback Loop Closure and Output in *Neurospora*.” *Molecular Cell* 74 (4): 771–784. e773.
- Circular ribosome code / код кольцевых последовательностей в рибосомной РНК
 - Pirillo, G. and M.A. Pirillo (2005). “Growth function of self-complementary circular codes.” *Rivista di biologia* 98 (1): 97–110.
 - El Soufi, K. and C.J. Michel (2014). “Circular code motifs in the ribosome decoding center.” *ComputBiol Chem* 52: 9–17.
 - Dila, G., R. Ripp, C. Mayer, O. Poch, C.J. Michel and J.D. Thompson (2019). “Circular code motifs in the ribosome: a missing link in the evolution of translation?” *Rna* 25 (12): 1714–1730.
 - Thompson, J.D., R. Ripp, C. Mayer, O. Poch and C.J. Michel (2021). “Potential role of the X circular code in the regulation of gene expression.” *Biosystems* 203: 104368.
 - Cis-regulatory transcription code / код цис-регуляторной транскрипции
 - Istrail, S. and E.H. Davidson (2005). “Logic functions of the genomic cis-regulatory code.” *Proceedings of the National Academy of Sciences* 102 (14): 4954–4959.
 - Ochoa-Espinosa, A. and S. Small (2006). “Developmental mechanisms and cis-regulatory codes.” *Current Opinion in Genetics & Development* 16 (2): 165–170.
 - Conte, I. and P. Bovolenta (2007). “Comprehensive characterization of the cis-regulatory code responsible for the spatio-temporal expression of *olSix3.2* in the developing medaka forebrain.” *Genome Biol* 8 (7): R137.
 - Zou, C., K. Sun, J.D. Mackaluso, A.E. Seddon, R. Jin, M.F. Thomashow and S.H. Shiu (2011). “Cis-regulatory code of stress-responsive transcription in *Arabidopsis thaliana*.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 108 (36): 14992–14997.
 - Sorge, S., N. Ha, M. Polychronidou, J. Friedrich, D. Bezdán, P. Kaspar, M.H. Schaefer, S. Ossowski, S.R. Henz, J. Mundorf, J. Rätzer, F. Papagiannouli and I. Lohmann (2012). “The cis-regulatory code of Hox function in *Drosophila*.” *Embo j* 31 (15): 3323–3333.
 - Doglio, L., D.K. Goode, M.C. Pelleri, S. Pauls, F. Frabetti, S.M. Shimeld, T. Vavouri and G. Elgar (2013). “Parallel evolution of chordate cis-regulatory code for development.” *PLoS Genet* 9 (11): e1003904.
 - Yáñez-Cuna, J.O., E.Z. Kvon and A. Stark (2013). “Deciphering the transcriptional cis-regulatory code.” *Trends Genet* 29 (1): 11–22.
 - Dresch, J.M. and D.N. Arnosti (2015). “The Wisdom of Crowds: Can Mathematical Models Crack the cis Regulatory Code?” *Cell Syst* 1 (6): 379–380.
 - Mancino, A., A. Termanini, I. Barozzi, S. Ghisletti, R. Ostuni, E. Prosperini, K. Ozato and G. Natoli (2015). “A dual cis-regulatory code links

- IRF8 to constitutive and inducible gene expression in macrophages.” *Genes Dev* 29 (4): 394–408.
- Uygun, S., C.B. Azodi and S.H. Shiu (2019). “Cis-Regulatory Code for Predicting Plant Cell-Type Transcriptional Response to High Salinity.” *Plant Physiol* 181 (4): 1739–1751.
 - Coppola, U., A.K. Kamal, A. Stolfi and F. Ristoreto (2020). “The Cis-Regulatory Code for Kelch-like 21/30 Specific Expression in *Ciona robusta* Sensory Organs.” *Front Cell Dev Biol* 8: 569601.
 - Novikova, D.D., P.A. Cherenkov, Y.G. Sizentsova and V.V. Mironova (2020). “metaRE R Package for Meta-Analysis of Transcriptome Data to Identify the cis-Regulatory Code behind the Transcriptional Reprogramming.” *Genes (Basel)* 11 (6).
 - Zeitlinger, J. (2020). “Seven myths of how transcription factors read the cis-regulatory code.” *Curr Opin Syst Biol* 23: 22–31.
 - Chatterjee, S., K.M. Karasaki, L.E. Fries, A. Kapoor and A. Chakravarti (2021). “A multi-enhancer RET regulatory code is disrupted in Hirschsprung disease.” *Genome Res* 31 (12): 2199–2208.
 - Tokuhiro, S. and Y. Satou (2021). “Cis-regulatory code for determining the action of Foxd as both an activator and a repressor in ascidian embryos.” *Dev Biol* 476: 11–17.
 - Zemlyanskaya, E.V., V.A. Dolgikh, V.G. Levitsky and V. Mironova (2021). “Transcriptional regulation in plants: Using omics data to crack the cis-regulatory code.” *Curr Opin Plant Biol* 63: 102058.
 - Benoit, M. (2022). “Hot ‘n cold: Applying the cis-regulatory code to predict heat and cold stress response in maize.” *Plant Cell* 34 (1): 497–498.
 - CKD code / код хронической болезни почек (ХБП)
 - O’Toole, J.F. and J.R. Sedor (2018). “CKD, Genetic Variation, and the Epigenome: Decrypting the Code.” *Am J Kidney Dis* 72 (2): 164–167.
 - Coactivator code / код коактиватора
 - Rosenfeld, M.G., V.V. Lunyak and C.K. Glass (2006). “Sensors and signals: a coactivator/corepressor/epigenetic code for integrating signal-dependent programs of transcriptional response.” *Genes Dev* 20 (11): 1405–1428.
 - Cohesin code / когезиновый код
 - Vera, A.M., A. Galera-Prat, M. Wojciechowski, B. Rózycki, D.V. Laurents, M. Carrión-Vázquez, M. Cieplak and P. Tinnefeld (2021). “Cohesin-dockerin code in cellulosomal dual binding modes and its allosteric regulation by proline isomerization.” *Structure* 29 (6): 587–597. e588.
 - Communication code / коммуникативный код
 - Salmund, G.P., B.W. Bucroft, G.S. Stewart and P. Williams (1995). “The bacterial ‘enigma’: cracking the code of cell-cell communication.” *Mol Microbiol* 16 (4): 615–624.
 - Fontanari, J.F. and L.I. Perlovsky (2008). “A game theoretical approach to the evolution of structured communication codes.” *Theory in Biosciences* 127 (3): 205–214.

- Li, P. and M.B. Elowitz (2019). “Communication codes in developmental signaling pathways.” *Development* 146(12).
- Bonato, B., F. Peressotti, S. Guerra, Q. Wang and U. Castiello (2021). “Cracking the code: a comparative approach to plant communication.” *Communicative & Integrative Biology* 14 (1): 176–185.
 - Compartment code / код компартментации
- Barbieri, M. (2003). *The organic codes. An introduction to semantic biology.*, Cambridge University Press.
- Artmann, S. (2009). “Basic Semiosis as Code-Based Control.” *Biosemiotics* 2 (1): 31–38.
- Maza, N.A., W.E. Schiesser and P.D. Calvert (2019). “An intrinsic compartmentalization code for peripheral membrane proteins in photoreceptor neurons.” *Journal of Cell Biology* 218 (11): 3753–3772.
 - Connexin code / коннексиновый код
- Kelsell, D.P., J. Dunlop and M.B. Hodgins (2001). “Human diseases: clues to cracking the connexin code?” *Trends Cell Biol* 11 (1): 2–6.
 - Cooperation codes / код кооперации
- Proverbio, A.M., F. Riva, L. Paganelli, S.F. Cappa, N. Canessa, D. Perani and A. Zani (2011). “Neural coding of cooperative vs. affective human interactions: 150 ms to code the action’s purpose.” *PLoS One* 6 (7): e22026.
- Efferson, C. and E. Fehr (2018). “Simple moral code supports cooperation.” *Nature* 555 (7695): 169–170.
 - Coregulator code / код корегулятора
- Stallcup, M.R. and C. Poulard (2020). “Gene-Specific Actions of Transcriptional Coregulators Facilitate Physiological Plasticity: Evidence for a Physiological Coregulator Code.” *Trends Biochem Sci* 45 (6): 497–510.
 - Cryptic code / криптический код
- Akiyama, T., Y. Koike, L. Petrucelli and A.D. Gitler (2022). “Cracking the cryptic code in amyotrophic lateral sclerosis and frontotemporal dementia: Towards therapeutic targets and biomarkers.” *Clin Transl Med* 12 (5): e818.
 - CTD code / код C-концевого домена
- Buratowski, S. (2003). “The CTD code.” *Nat Struct Biol* 10 (9): 679–680.
- Tietjen, J.R., D.W. Zhang, J.B. Rodríguez-Molina, B.E. White, M.S. Akhtar, M. Heidemann, X. Li, R.D. Chapman, K. Shokat, S. Keles, D. Eick and A.Z. Ansari (2010). “Chemical-genomic dissection of the CTD code.” *Nat Struct Mol Biol* 17 (9): 1154–1161.
- Heidemann, M. and D. Eick (2012). “Tyrosine-1 and threonine-4 phosphorylation marks complete the RNA polymerase II CTD phospho-code.” *RNA Biol* 9 (9): 1144–1146.
- Meyer, P.A. and J. Fu (2012). “Mutual remodeling and conformation grid: a mediator code?” *Structure* 20 (5): 755–757.
- Eick, D. and M. Geyer (2013). “The RNA polymerase II carboxy-terminal domain (CTD) code.” *Chem Rev* 113 (11): 8456–8490.

- Jeronimo, C., A.R. Bataille and F. Robert (2013). “The writers, readers, and functions of the RNA polymerase II C-terminal domain code.” *Chem Rev* 113 (11): 8491–8522.
- Materne, P., J. Anandhakumar, V. Migeot, I. Soriano, C. Yague-Sanz, E. Hidalgo, C. Mignon, L. Quintales, F. Antequera and D. Hermand (2015). “Promoter nucleosome dynamics regulated by signalling through the CTD code.” *Elife* 4: e09008.
- Corden, J.L. (2016). “Pol II CTD Code Light.” *Mol Cell* 61 (2): 183–184.
- Zhang, B., X. Zhong, M. Sauane, Y. Zhao and Z.L. Zheng (2020). “Modulation of the Pol II CTD Phosphorylation Code by Rac1 and Cdc42 Small GTPases in Cultured Human Cancer Cells and Its Implication for Developing a Synthetic-Lethal Cancer Therapy.” *Cells* 9 (3).
- Dieci, G. (2021). “Removing quote marks from the RNA polymerase II CTD ‘code’.” *Biosystems* 207: 104468.
- Cybernetic code / кибернетический код
- Wells, A. (2019). “Breaking the Cybernetic Code: Understanding and Treating the Human Metacognitive Control System to Enhance Mental Health.” *Front Psychol* 10: 2621.
- Cytokine code / цитокиновый код
- Ulloa, L. and K.J. Tracey (2005). “The “cytokine profile”: a code for sepsis.” *Trends Mol Med* 11 (2): 56–63.
- Nickoloff, B.J. (2007). “Cracking the cytokine code in psoriasis.” *Nat Med* 13 (3): 242–244.
- Hartmann, B.M., N. Marjanovic, G. Nudelman, T.M. Moran and S.C. Sealfon (2014). “Combinatorial cytokine code generates anti-viral state in dendritic cells.” *Front Immunol* 5: 73.
- Mustafa, M.I., A.H. Abdelmoneim, E.M. Mahmoud and A.M. Makhawi (2020). “Cytokine Storm in COVID-19 Patients, Its Impact on Organs and Potential Treatment by QTY Code-Designed Detergent-Free Chemokine Receptors.” *Mediators Inflamm* 2020: 8198963.
- Hao, S., D. Jin, S. Zhang and R. Qing (2020). “QTY Code-designed Water-soluble Fc-fusion Cytokine Receptors Bind to their Respective Ligands.” *QRB Discov* 1: e4.
- Cytoskeleton code / код цитоскелета
- Barbieri, M. (2003). *The organic codes. An introduction to semantic biology.*, Cambridge University Press.
- Gimona, M. (2008). *Protein Linguistics and the Modular Code of the Cytoskeleton. The Codes of Life: The Rules of Macroevolution.* M. Barbieri and J. Hoffmeyer. Dordrecht, Springer Netherlands: 189–206.
- Dance code / код танца
- Rohrseitz, K. and J. Tautz (1999). “Honey bee dance communication: waggle run direction coded in antennal contacts?” *Journal of Comparative Physiology A* 184 (4): 463–470.

- Defense Code / защитный код
 - Medzhitov, R. (2001). “CpG DNA: security code for host defense.” *Nat Immunol* 2 (1): 15–16.
- Differentiation code / код дифференциации
 - Gu, X. and N.C. Spitzer (1997). “Breaking the code: regulation of neuronal differentiation by spontaneous calcium transients.” *Dev Neurosci* 19 (1): 33–41.
 - Beaujean, D., C. Rosenbaum, H.W. Müller, J.J. Willemsen, J. Lenders and S.R. Bornstein (2003). “Combinatorial code of growth factors and neuropeptides define neuroendocrine differentiation in PC12 cells.” *Exp Neurol* 184 (1): 348–358.
 - Pruszek, J., W. Ludwig, A. Blak, K. Alavian and O. Isacson (2009). “CD15, CD24, and CD29 define a surface biomarker code for neural lineage differentiation of stem cells.” *Stem Cells* 27 (12): 2928–2940.
 - Kondoh, H. and Y. Kamachi (2010). “SOX-partner code for cell specification: Regulatory target selection and underlying molecular mechanisms.” *Int J Biochem Cell Biol* 42 (3): 391–399.
 - Gordon, R. and N.K. Gordon (2019). “The differentiation code.” *Biosystems* 184: 104013.
 - Wang, N., X. Ji, Y. Wu, S. Zhou, H. Peng, J. Wang, S. Yu and J. Zhang (2021). “The Different Molecular Code in Generation of Dopaminergic Neurons from Astrocytes and Mesenchymal Stem Cells.” *Int J Mol Sci* 22 (22).
- Discriminator code / код дискриминатора
 - Kuncha, S.K., K. Suma, K.I. Pawar, J. Gogoi, S.B. Routh, S. Pottabathini, S.P. Kruparani and R. Sankaranarayanan (2018). “A discriminator code-based DTD surveillance ensures faithful glycine delivery for protein biosynthesis in bacteria.” *Elife* 7.
- DNA codes / коды ДНК
 - Sternberg, R.V. (2008). “DNA codes and information: formal structures and relational causes.” *Acta Biotheor* 56 (3): 205–232.
- DNA-binding code / ДНК-связывающие коды
 - Gursky, A.V., V.G. Tumanyan, A.S. Zasedatelev, A.L. Zhuze, S.L. Grokhovsky and B.P.
 - Gottikh (1976). “A code controlling specific binding of regulatory proteins to DNA.” *Mol Biol Rep* 2 (5): 413–425.
 - Rein, R., R. Garduno, J.T. Egan and S. Columbano (1977). “Elements of a DNA-polypeptide recognition code: electrostatic potential around the double helix, and a stereospecific model for purine recognition.” *Biosystems* 9 (2–3): 131–137.
 - Choo, Y. and A. Klug (1994). “Toward a code for the interactions of zinc fingers with DNA: selection of randomized fingers displayed on phage.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 91 (23): 11163–11167.

- Suzuki, M. (1994). “A framework for the DNA-protein recognition code of the probe helix in transcription factors: the chemical and stereochemical rules.” *Structure* 2 (4): 317–326.
- Suzuki, M. and N. Yagi (1994). “DNA recognition code of transcription factors in the helix-turn-helix, probe helix, hormone receptor, and zinc finger families.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 91 (26): 12357–12361.
- Davis, R.L., P.F. Cheng, A.B. Lassar and H. Weintraub (1990). “The MyoD DNA binding domain contains a recognition code for muscle-specific gene activation.” *Cell* 60 (5): 733–746.
- Boch, J., H. Scholze, S. Schornack, A. Landgraf, S. Hahn, S. Kay, T. Lahaye, A. Nickstadt and U. Bonas (2009). “Breaking the code of DNA binding specificity of TAL-type III effectors.” *Science* 326 (5959): 1509–1512.
- Camas, F.M., E.J. Alm and J.F. Poyatos (2010). “Local gene regulation details a recognition code within the LacI transcriptional factor family.” *PLoS Comput Biol* 6 (11): e1000989.
- Puppin, C., D. Fabbro, L. Pellizzari and G. Damante (2011). “Using the recognition code to swap homeodomain target specificity in cell culture.” *Mol Biol Rep* 38 (8): 5349–5354.
- de Lange, O., T. Schreiber, N. Schandry, J. Radeck, K.H. Braun, J. Koszinowski, H. Heuer, A. Strauß and T. Lahaye (2013). “Breaking the DNA-binding code of *Ralstonia solanacearum* TAL effectors provides new possibilities to generate plant resistance genes against bacterial wilt disease.” *New Phytol* 199 (3): 773–786.
- Hortschansky, P., E. Ando, K. Tuppatsch, H. Arikawa, T. Kobayashi, M. Kato, H. Haas and A.A. Brakhage (2015). “Deciphering the combinatorial DNA-binding code of the CCAAT-binding complex and the iron-regulatory basic region leucine zipper (bZIP) transcription factor HapX.” *J Biol Chem* 290 (10): 6058–6070.
- De Kumar, B., H.J. Parker, A. Paulson, M.E. Parrish, I. Pushel, N.P. Singh, Y. Zhang, B.D. Slaughter, J.R. Unruh, L. Florens, J. Zeitlinger and R. Krumlauf (2017). “HOXA1 and TALE proteins display cross-regulatory interactions and form a combinatorial binding code on HOXA1 targets.” *Genome Res* 27 (9): 1501–1512.
- Joerger, A.C. (2018). “Extending the Code of Sequence Readout by Gene Regulatory Proteins: The Role of Hoogsteen Base Pairing in p53-DNA Recognition.” *Structure* 26 (9): 1163–1165.
 - Domain code / код домена
- Koide, A., R.N. Gilbreth, K. Esaki, V. Tereshko and S. Koide (2007). “High-affinity single-domain binding proteins with a binary-code interface.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 104 (16): 6632–6637.
- Throckmorton, K., V. Vinnik, R. Chowdhury, T. Cook, M.G. Chevrette, C. Maranas, B. Pflieger and M.G. Thomas (2019). “Directed Evolution Reveals the Functional Sequence Space of an Adenylation Domain Specificity Code.” *ACS Chem Biol* 14 (9): 2044–2054.

- Iorio, M.T., F.D. Vogel, F. Koniuszewski, P. Scholze, S. Rehman, X. Simeone, M. Schnürch, M.D. Mihovilovic and M. Ernst (2020). “GABA (A) Receptor Ligands Often Interact with Binding Sites in the Transmembrane Domain and in the Extracellular Domain-Can the Promiscuity Code Be Cracked?” *Int J Mol Sci* 21 (1).
- Ecological codes / экологические коды
 - Kull, K. (2010). “Ecosystems are Made of Semiotic Bonds: Consortia, Umwelten, Biophony and Ecological Codes.” *Biosemitotics* 3 (3): 347–357.
 - Farina, A. (2018). “Ecoacoustic codes and ecological complexity.” *Biosystems* 164: 147–154.
- Endocrine codes / эндокринные коды
 - Leong, D.A. and M.O. Thorner (1991). “A potential code of luteinizing hormone-releasing hormone-induced calcium ion responses in the regulation of luteinizing hormone secretion among individual gonadotropes.” *J Biol Chem* 266 (14): 9016–9022.
 - Dygalo, N.N. (2010). “[Evolution of endocrine glands and neuroendocrine systems: the ‘humoral code’].” *Russ Fiziol Zh Im I M Sechenova* 96 (7): 675–685.
 - Burnstock, G. (2014). “Purinergetic signalling in endocrine organs.” *Purinergetic Signalling* 10 (1): 189–231.
 - Gribble, F.M. and F. Reimann (2017). “Signalling in the gut endocrine axis.” *Physiology & Behavior* 176: 183–188.
 - Lee, S., J. Choi, J. Mohanty, L.P. Sousa, F. Tome, E. Pardon, J. Steyaert, M.A. Lemmon, I. Lax and J. Schlessinger (2018). “Structures of β -klotho reveal a ‘zip code’-like mechanism for endocrine FGF signalling.” *Nature* 553 (7689): 501–505.
 - Kuang, H. and J.D. Lin (2019). “GPNMB: expanding the code for liver–fat communication.” *Nature Metabolism* 1 (5): 507–508.
- Epigenetic code – A (general) / эпигенетический код – A (общий)
 - Benecke, A. (2006). “Chromatin code, local non-equilibrium dynamics, and the emergence of transcription regulatory programs.” *Eur Phys J E Soft Matter* 19 (3): 353–366.
 - Fatemi, M. and P.A. Wade (2006). “MBD family proteins: reading the epigenetic code.” *J Cell Sci* 119 (Pt 15): 3033–3037.
 - Lesne, A. (2006). “The chromatin regulatory code: beyond a histone code.” *Eur Phys J E Soft Matter* 19 (3): 375–377.
 - Nightingale, K.P., L.P. O'Neill and B.M. Turner (2006). “Histone modifications: signalling receptors and potential elements of a heritable epigenetic code.” *Curr Opin Genet Dev* 16 (2): 125–136.
 - Turner, B.M. (2007). “Defining an epigenetic code.” *Nature Cell Biology* 9 (1): 2–6.
 - Lennartsson, A. and K. Ekwall (2009). “Histone modification patterns and epigenetic codes.” *Biochim Biophys Acta* 1790 (9): 863–868.

- Marx, V. (2012). “Epigenetics: Reading the second genomic code.” *Nature* 491 (7422): 143–147.
- The EPIC Planning Committee (2012). “Reading the second code: mapping epigenomes to understand plant growth, development, and adaptation to the environment.” *Plant Cell* 24 (6): 2257–2261.
- Treas, J.N., T. Tyagi and K.P. Singh (2012). “Effects of chronic exposure to arsenic and estrogen on epigenetic regulatory genes expression and epigenetic code in human prostate epithelial cells.” *PLoS One* 7 (8): e43880.
- Bronner, C., M. Krifa and M. Mousli (2013). “Increasing role of UHRF1 in the reading and inheritance of the epigenetic code as well as in tumorigenesis.” *Biochem Pharmacol* 86 (12): 1643–1649.
- Santoni, F.A. (2013). “EMdeCODE: a novel algorithm capable of reading words of epigenetic code to predict enhancers and retroviral integration sites and to identify H3 R2 me1 as a distinctive mark of coding versus non-coding genes.” *Nucleic Acids Res* 41 (3): e48.
- Gao, Q., J. Tang, J. Chen, L. Jiang, X. Zhu and Z. Xu (2014). “Epigenetic code and potential epigenetic-based therapies against chronic diseases in developmental origins.” *Drug Discov Today* 19 (11): 1744–1750.
- Infante, T., F.P. Mancini, A. Lanza, A. Soricelli, F. de Nigris and C. Napoli (2015). “Polycomb YY1 is a critical interface between epigenetic code and miRNA machinery after exposure to hypoxia in malignancy.” *Biochim Biophys Acta* 1853 (5): 975–986.
- Bensaddek, D. and A.I. Lamond (2016). “Unlocking the chromatin code by deciphering protein-DNA interactions.” *Mol Syst Biol* 12 (11): 887.
- Bayarsaihan, D. (2016). “Deciphering the Epigenetic Code in Embryonic and Dental Pulp Stem Cells.” *Yale J Biol Med* 89 (4): 539–563.
- Di Pietro, A. and K.L. Good-Jacobson (2018). “Disrupting the Code: Epigenetic Dysregulation of Lymphocyte Function during Infectious Disease and Lymphoma Development.” *J Immunol* 201 (4): 1109–1118.
- Biot, M. and B. de Massy (2020). “Reading the epigenetic code for exchanging DNA.” *Elife* 9.
- Wang, M., V. Ngo and W. Wang (2021). “Deciphering the genetic code of DNA methylation.” *Brief Bioinform* 22 (5).
- Kong, S., Y. Lu, S. Tan, R. Li, Y. Gao, K. Li and Y. Zhang (2022). “Nucleosome-Omics: A Perspective on the Epigenetic Code and 3D Genome Landscape.” *Genes (Basel)* 13 (7).
- Epigenetic code – B (behaviour) / эпигенетический код – B (поведение)
- Gräff, J. and I.M. Mansuy (2008). “Epigenetic codes in cognition and behaviour.” *Behav Brain Res* 192 (1): 70–87.
- Maleszka, R. (2016). “Epigenetic code and insect behavioural plasticity.” *Curr Opin Insect Sci* 15: 45–52.
- Fustin, J.M., R. Kojima, K. Itoh, H.Y. Chang, S. Ye, B. Zhuang, A. Oji, S. Gibo, R. Narasimamurthy, D. Virshup, G. Kurosawa, M. Doi, I. Manabe, Y. Ishihama, M. Ikawa and H. Okamura (2018). “Two Ck1δ transcripts

regulated by m6 A methylation code for two antagonistic kinases in the control of the circadian clock.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 115 (23): 5980–5985.

- Epitranscriptomic code / эпитранскриптомический код
 - Berlivet, S., J. Scutenaire, J.M. Deragon and C. Bousquet-Antonelli (2019). “Readers of the m (6) A epitranscriptomic code.” *Biochim Biophys Acta Gene Regul Mech* 1862 (3): 329–342.
 - Deng, L., J. Kumar, R. Rose, W. McIntyre and D. Fabris (2022). “Analyzing RNA posttranscriptional modifications to decipher the epitranscriptomic code.” *Mass Spectrom Rev*: e21798.
- Error correcting code / код коррекции ошибок
 - Battail, G. (2007). *Information Theory and Error-Correcting Codes In Genetics and Biological Evolution. Introduction to Biosemiotics: The New Biological Synthesis*. M. Barbieri. Dordrecht, Springer Netherlands: 299–345.
 - Faria, L.C., A.S. Rocha, J.H. Kleinschmidt, M.C. Silva-Filho, E. Bim, R.H. Herai, M.E. Yamagishi and R. Palazzo, Jr. (2012). “Is a genome a codeword of an error-correcting code?” *PloS One* 7 (5): e36644.
 - Ashlock, D., S.K. Houghten, J.A. Brown and J. Orth (2012). “On the synthesis of DNA error correcting codes.” *Biosystems* 110 (1): 1–8.
 - Battail, G. (2019). “Error-correcting codes and information in biology.” *Biosystems* 184: 103987.
- Export / Exit code / код экспорта / выхода
 - Nishimura, N., S. Bannykh, S. Slabough, J. Matteson, Y. Altschuler, K. Hahn and W.E. Balch (1999). “A di-acidic (DXE) code directs concentration of cargo during export from the endoplasmic reticulum.” *J Biol Chem* 274 (22): 15937–15946.
 - Wang, X., J. Matteson, Y. An, B. Moyer, J.S. Yoo, S. Bannykh, I.A. Wilson, J.R. Riordan and W.E. Balch (2004). “COPII-dependent export of cystic fibrosis transmembrane conductance regulator from the ER uses a di-acidic exit code.” *J Cell Biol* 167 (1): 65–74.
- Folding code / код свертывания
 - Alexander, P.A., Y. He, Y. Chen, J. Orban and P.N. Bryan (2009). “A minimal sequence code for switching protein structure and function.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 106 (50): 21149–21154.
 - Joo, H., A.G. Chavan, J. Phan, R. Day and J. Tsai (2012). “An amino acid packing code for α -helical structure and protein design.” *J Mol Biol* 419 (3–4): 234–254.
 - Joo, H. and J. Tsai (2014). “An amino acid code for β -sheet packing structure.” *Proteins* 82 (9): 2128–2140.
 - Carter, C.W., Jr. and R. Wolfenden (2015). “tRNA acceptor stem and anticodon bases form independent codes related to protein folding.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 112 (24): 7489–7494.
- FoxO code / код транскрипционных факторов семейства forkhead box класса O (FOXO)

- Calnan, D.R. and A. Brunet (2008). “The FoxO code.” *Oncogene* 27 (16): 2276–2288.
- Genetic code – A (historical) / генетический код – А (исторический)
 - Dounce, A.L. (1952). “[Duplicating mechanism for peptide chain and nucleic acid synthesis].” *Enzymologia* 15 (5): 251–258.
 - Dounce, A.L. (1953). “Nucleic Acid Template Hypotheses.” *Nature* 172 (4377): 541–541.
 - Gamow, G. (1954). “Possible Relation between Deoxyribonucleic Acid and Protein Structures.” *Nature* 173 (4398): 318–318.
 - Berg, P. and E.J. Offengand (1958). “An Enzymatic Mechanism for Linking Amino Acids to RNA.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 44 (2): 78–86.
 - Nirenberg, M.W. and J.H. Matthaei (1961). “The dependence of cell-free protein synthesis in *E. coli* upon naturally occurring or synthetic polyribonucleotides.” *Proceedings of the National Academy of Sciences* 47 (10): 1588–1602.
 - Lengyel, P., J.F. Speyer and S. Ochoa (1961). “Synthetic polynucleotides and the amino acid code.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 47 (12): 1936–1942.
 - Speyer, J.F., P. Lengyel, C. Basilio, A.J. Wahba, R.S. Gardner and S. Ochoa (1963). “Synthetic Polynucleotides and the Amino Acid Code.” *Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology* 28: 559–567.
 - Nirenberg, M. and P. Leder (1964). “RNA Codewords and Protein Synthesis.” *Science* 145 (3639): 1399–1407.
 - Nishimura, S., D.S. Jones and H.G. Khorana (1965). “Studies on polynucleotides. 48. The in vitro synthesis of a co-polypeptide containing two amino acids in alternating sequence dependent upon a DNA-like polymer containing two nucleotides in alternating sequence.” *J Mol Biol* 13 (1): 302–324.
 - Woese, C.R. (1965). “Order in the genetic code.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 54 (1): 71–75.
 - Nirenberg, M., T. Caskey, R. Marshall, R. Brimacombe, D. Kellogg, B. Doctor, D. Hatfield, J. Levin, F. Rottman, S. Pestka, M. Wilcox and F. Anderson (1966). “The RNA code and protein synthesis.” *Cold Spring Harb Symp Quant Biol* 31: 11–24.
 - Khorana, H.G., H. Büuchi, H. Ghosh, N. Gupta, T.M. Jacob, H. Kössel, R. Morgan, S.A. Narang, E. Ohtsuka and R.D. Wells (1966). “Polynucleotide Synthesis and the Genetic Code.” *Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology* 31: 39–49.
- Genetic code – B (research) / генетический код – В (исследования)
 - Taylor, F.J. R. and D. Coates (1989). “The code within the codons.” *Biosystems* 22 (3): 177–187.
 - Jukes, T.H. and S. Osawa (1990). “The genetic code in mitochondria and chloroplasts.” *Experientia* 46 (11–12): 1117–1126.
 - Haig, D. and L.D. Hurst (1991). “A quantitative measure of error minimization in the genetic code.” *J Mol Evol* 33 (5): 412–417.

- Arquès, D.G. and C.J. Michel (1997). “A code in the protein coding genes.” *Biosystems* 44 (2): 107–134.
- Cebrat, S., P. Mackiewicz and M.R. Dudek (1998). “The role of the genetic code in generating new coding sequences inside existing genes.” *Biosystems* 45 (2): 165–176.
- Freeland, S.J. and L.D. Hurst (1998). “The Genetic Code Is One in a Million.” *Journal of Molecular Evolution* 47 (3): 238–248.
- Bollenbach, T., K. Vetsigian and R. Kishony (2007). “Evolution and multilevel optimization of the genetic code.” *Genome Res* 17 (4): 401–404.
- Kun, Á., S. Pongor, F. Jordán and E. Szathmáry (2008). *Catalytic Propensity of Amino Acids and the Origins of the Genetic Code and Proteins. The Codes of Life: The Rules of Macroevolution.* M. Barbieri and J. Hoffmeyer. Dordrecht, Springer Netherlands: 39–58.
- Di Giulio, M. (2008). *Why the Genetic Code Originated: Implications for the Origin of Protein Synthesis. The Codes of Life: The Rules of Macroevolution.* M. Barbieri and J. Hoffmeyer. Dordrecht, Springer Netherlands: 59–67.
- Guimarães, R.C., C.H. C. Moreira and S.T. de Farias (2008). *Self-Referential Formation of the Genetic System. The Codes of Life: The Rules of Macroevolution.* M. Barbieri and J. Hoffmeyer. Dordrecht, Springer Netherlands: 69–110.
- Gonzalez, D.L. (2008). *The Mathematical Structure of the Genetic Code. The Codes of Life: The Rules of Macroevolution.* M. Barbieri and J. Hoffmeyer. Dordrecht, Springer Netherlands: 111–152.
- shCherbak, V. (2008). *The Arithmetical Origin of the Genetic Code. The Codes of Life: The Rules of Macroevolution.* M. Barbieri and J. Hoffmeyer. Dordrecht, Springer Netherlands: 153–185.
- Rodin, A.S., E. Szathmáry and S.N. Rodin (2011). “On origin of genetic code and tRNA before translation.” *Biol Direct* 6: 14.
- Seligmann, H. (2015). “Phylogeny of genetic codes and punctuation codes within genetic codes.” *Biosystems* 129: 36–43.
- Barbieri, M. (2019). “Evolution of the genetic code: The ambiguity-reduction theory.” *Biosystems* 185: 104024.
- Zolyan, S. (2021). “On the context-sensitive grammar of the genetic code.” *Biosystems* 208: 104497.
- Michel, C.J. (2021). “Genes on the circular code alphabet.” *Biosystems* 206: 104431.
- Karasev, V.A. (2022). “The Canonical Table of the Genetic Code as a periodic system of triplets.” *Biosystems* 214: 104636.
- Rosandić, M. and V. Paar (2022). “Standard Genetic Code vs. Supersymmetry Genetic Code – Alphabetical table vs. physicochemical table.” *Biosystems* 218: 104695.
- Samhita, L. (2022). “Re-reading the genetic code: The evolutionary potential of frameshifting in time.” *J Biosci* 47.

- Genetic Code – C (expanded) / генетический код – C (расширенный)
 - Moore, B., B.C. Persson, C.C. Nelson, R.F. Gesteland and J.F. Atkins (2000). “Quadruplet codons: implications for code expansion and the specification of translation step size.” *J Mol Biol* 298 (2): 195–209.
 - Budisa, N. (2004). “Prolegomena to Future Experimental Efforts on Genetic Code Engineering by Expanding Its Amino Acid Repertoire.” *Angewandte Chemie International Edition* 43 (47): 6426–6463.
 - Wang, L. and P.G. Schultz (2005). “Expanding the Genetic Code.” *Angewandte Chemie International Edition* 44 (1): 34–66.
 - Cropp, T.A., J.C. Anderson and J.W. Chin (2007). “Reprogramming the amino-acid substrate specificity of orthogonal aminoacyl-tRNA synthetases to expand the genetic code of eukaryotic cells.” *Nat Protoc* 2 (10): 2590–2600.
 - Liu, C.C., A.V. Mack, M.L. Tsao, J.H. Mills, H.S. Lee, H. Choe, M. Farzan, P.G. Schultz and V.V. Smider (2008). “Protein evolution with an expanded genetic code.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 105 (46): 17688–17693.
 - Bohlke, N. and N. Budisa (2014). “Sense codon emancipation for proteome-wide incorporation of noncanonical amino acids: rare isoleucine codon AUA as a target for genetic code expansion.” *FEMS Microbiol Lett* 351 (2): 133–144.
 - Aerni, H.R., M.A. Shifman, S. Rogulina, P. O'Donoghue and J. Rinehart (2015). “Revealing the amino acid composition of proteins within an expanded genetic code.” *Nucleic Acids Res* 43 (2): e8.
 - Oron-Gottesman, A., M. Sauert, I. Moll and H. Engelberg-Kulka (2016). “A Stress-Induced Bias in the Reading of the Genetic Code in *Escherichia coli*.” *mBio* 7 (6).
 - Hoffman, K.S., A. Crnković and D. Söll (2018). “Versatility of Synthetic tRNAs in Genetic Code Expansion.” *Genes (Basel)* 9 (11).
 - Su, H.J., T.J. Barkman, W. Hao, S.S. Jones, J. Naumann, E. Skippington, E.K. Wafula, J.M. Hu, J.D. Palmer and C.W. dePamphilis (2019). “Novel genetic code and record-setting AT-richness in the highly reduced plastid genome of the holoparasitic plant *Balanophora*.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 116 (3): 934–943.
 - Turmel, M., A. Lopes Dos Santos, C. Otis, R. Sergerie and C. Lemieux (2019). “Tracing the Evolution of the Plastome and Mitogenome in the Chloropicophyceae Uncovered Convergent tRNA Gene Losses and a Variant Plastid Genetic Code.” *Genome Biol Evol* 11 (4): 1275–1292.
 - Kivenson, V. and S.J. Giovannoni (2020). “An Expanded Genetic Code Enables Trimethylamine Metabolism in Human Gut Bacteria.” *mSystems* 5 (5).
 - Bag, S.S., I. Saraogi and J. Guo (2022). “Editorial: Expansion of the Genetic Code: Unnatural Amino Acids and their Applications.” *Front Chem* 10: 958433.

- Reinkemeier, C.D. and E.A. Lemke (2023). “Synthetic Organelles for Multiple mRNA Selective Genetic Code Expansions in Eukaryotes.” *Methods Mol Biol* 2563: 341–369.
- Genetic code – D (alternative) / генетический код – D (альтернативный)
- Doerfler, W. (1982). “In search of more complex genetic codes—can linguistics be a guide?” *Med Hypotheses* 9 (6): 563–579.
- Parker, J. (1989). “Errors and alternatives in reading the universal genetic code.” *Microbiol Rev* 53 (3): 273–298.
- Osawa, S., D. Collins, T. Ohama, T.H. Jukes and K. Watanabe (1990). “Evolution of the mitochondrial genetic code. III. Reassignment of CUN codons from leucine to threonine during evolution of yeast mitochondria.” *J Mol Evol* 30 (4): 322–328.
- Suzuki, T., T. Ueda, T. Yokogawa, K. Nishikawa and K. Watanabe (1994). “Characterization of serine and leucine tRNAs in an asporogenic yeast *Candida cylindracea* and evolutionary implications of genes for tRNA (Ser)CAG responsible for translation of a non-universal genetic code.” *Nucleic Acids Res* 22 (2): 115–123.
- Lang-Unnasch, N. and D.P. Aiello (1999). “Sequence evidence for an altered genetic code in the *Neospora caninum* plastid.” *Int J Parasitol* 29 (10): 1557–1562.
- Wang, K., H. Neumann, S.Y. Peak-Chew and J.W. Chin (2007). “Evolved orthogonal ribosomes enhance the efficiency of synthetic genetic code expansion.” *Nat Biotechnol* 25 (7): 770–777.
- McCutcheon, J.P., B.R. McDonald and N.A. Moran (2009). “Origin of an alternative genetic code in the extremely small and GC-rich genome of a bacterial symbiont.” *PloS Genet* 5 (7): e1000565.
- Castro-Chavez, F. (2010). “The rules of variation: amino acid exchange according to the rotating circular genetic code.” *J Theor Biol* 264 (3): 711–721.
- Cocquyt, E., G.H. Gile, F. Leliaert, H. Verbruggen, P.J. Keeling and O. De Clerck (2010). “Complex phylogenetic distribution of a non-canonical genetic code in green algae.” *BMC Evol Biol* 10: 327.
- Matsumoto, T., S.A. Ishikawa, T. Hashimoto and Y. Inagaki (2011). “A deviant genetic code in the green alga-derived plastid in the dinoflagellate *Lepidodinium chlorophorum*.” *Mol Phylogenet Evol* 60 (1): 68–72.
- Sczepanski, J.T. and G.F. Joyce (2012). “Synthetic evolving systems that implement a user-specified genetic code of arbitrary design.” *Chem Biol* 19 (10): 1324–1332.
- Roukos, D.H. (2012). “Biotechnological, genomics and systems-synthetic biology revolution: redesigning genetic code for a pragmatic systems medicine.” *Expert Rev Med Devices* 9 (2): 97–101.
- Ma, N.J., C.F. Hemez, K.W. Barber, J. Rinehart and F.J. Isaacs (2018). “Organisms with alternative genetic codes resolve unassigned codons via mistranslation and ribosomal rescue.” *eLife* 7: e34878.

- Fimmel, E. and L. Strümgmann (2019). “Linear codes and the mitochondrial genetic code.” *Biosystems* 184: 103990.
- Meng, K., C.Z. Chung, D. Söll and N. Krahn (2022). “Unconventional genetic code systems in archaea.” *Front Microbiol* 13: 1007832.
- Genome regulatory code / код регулирования генома
 - Rister, J. and C. Desplan (2010). “Deciphering the genome’s regulatory code: the many languages of DNA.” *Bioessays* 32 (5): 381–384.
 - Willis, N.A., E. Rass and R. Scully (2015). “Deciphering the Code of the Cancer Genome: Mechanisms of Chromosome Rearrangement.” *Trends Cancer* 1 (4): 217–230.
 - Kelley, D.R., J. Snoek and J.L. Rinn (2016). “Basset: learning the regulatory code of the accessible genome with deep convolutional neural networks.” *Genome Res* 26 (7): 990–999.
 - Istrail, S. (2019). “Eric Davidson’s Regulatory Genome for Computer Science: Causality, Logic, and Proof Principles of the Genomic cis-Regulatory Code.” *J Comput Biol* 26 (7): 653–684.
 - Mozziconacci, J., M. Merle and A. Lesne (2020). “The 3D Genome Shapes the Regulatory Code of Developmental Genes.” *J Mol Biol* 432 (3): 712–723.
 - Genomic code / геномный код
 - Pennisi, E. (2004). “Searching for the genome’s second code.” *Science* 306 (5696): 632–635.
 - Segal, E., Y. Fondufe-Mittendorf, L. Chen, A. Thåström, Y. Field, I.K. Moore, J.-P.Z. Wang and J. Widom (2006). “A genomic code for nucleosome positioning.” *Nature* 442 (7104): 772–778.
 - Lee, B., H. Song, K. Rizzoti, Y. Son, J. Yoon, K. Baek and Y. Jeong (2013). “Genomic code for Sox2 binding uncovers its regulatory role in Six3 activation in the forebrain.” *Dev Biol* 381 (2): 491–501.
 - Ward, M.C. and Y. Gilad (2017). “Human genomics: Cracking the regulatory code.” *Nature* 550 (7675): 190–191.
 - Bernardi, G. (2019). “The Genomic Code: A Pervasive Encoding / Molding of Chromatin Structures and a Solution of the ‘Non-Coding DNA’ Mystery.” *BioEssays* 41 (12): 1900106.
 - Riolo, J. and A.J. Steckl (2022). “Comparative analysis of genome code complexity and manufacturability with engineering benchmarks.” *Sci Rep* 12 (1): 2808.
 - Gli code / код GLI
 - Ruiz i Altaba, A., V. Nguyễn and V. Palma (2003). “The emergent design of the neural tube: prepatter, SHH morphogen and GLI code.” *Curr Opin Genet Dev* 13 (5): 513–521.
 - Ruiz i Altaba, A., C. Mas and B. Stecca (2007). “The Gli code: an information nexus regulating cell fate, stemness and cancer.” *Trends Cell Biol* 17 (9): 438–447.

- Devine, C.A., J.L. Sbrogna, B. Guner, M. Osgood, M.C. Shen and R.O. Karlstrom (2009). “A dynamic Gli code interprets Hh signals to regulate induction, patterning, and endocrine cell specification in the zebrafish pituitary.” *Dev Biol* 326 (1): 143–154.
- Stecca, B. and A. Ruiz i Altaba (2010). “Context-dependent regulation of the GLI code in cancer by HEDGEHOG and non-HEDGEHOG signals.” *J Mol Cell Biol* 2 (2): 84–95.
- Ruiz i Altaba, A. (2011). “Hedgehog signaling and the Gli code in stem cells, cancer, and metastases.” *Sci Signal* 4 (200): pt9.
- Matz-Soja, M., C. Rennert, K. Schönefeld, S. Aleithe, J. Boettger, W. Schmidt-Heck, T.S. Weiss, A. Hovhannisyanyan, S. Zellmer, N. Klötting, A. Schulz, J. Kratzsch, R. Guthke and R. Gebhardt (2016). “Hedgehog signaling is a potent regulator of liver lipid metabolism and reveals a GLI-code associated with steatosis.” *Elife* 5.
- Timmis, A.J. and N.A. Riobo-Del Galdo (2020). “Another twist to the GLI code.” *Biochem J* 477 (22): 4343–4347.
- Glioma code / код глиомы
 - Lowenstein, P.R., G.J. Baker and M.G. Castro (2014). “Cracking the glioma-NK inhibitory code: toward successful innate immunotherapy.” *Oncoimmunology* 3 (11): e965573.
 - Glycomic code / гликомический код
 - Gupta, G. and A. Surolia (2012). *Glycomics: An Overview of the Complex Glycocode. Biochemical Roles of Eukaryotic Cell Surface Macromolecules*, New York, NY, Springer New York.
 - Buckeridge, M.S. and A.P. de Souza (2014). “Breaking the ‘Glycomic Code’ of Cell Wall Polysaccharides May Improve Second-Generation Bioenergy Production from Biomass.” *BioEnergy Research* 7 (4): 1065–1073.
 - Buckeridge, M.S. (2018). “The evolution of the Glycomic Codes of extracellular matrices.” *Biosystems* 164: 112–120.
 - Banerjee, D.K., Ed. (2021). *Glycome: The Hidden Code in Biology*, Nova Science Publishers, Inc.
 - Glycosylation code / код гликозилирования
 - Gama, C.I. and L.C. Hsieh-Wilson (2005). “Chemical approaches to deciphering the glycosaminoglycan code.” *Curr Opin Chem Biol* 9 (6): 609–619.
 - Hebert, D.N., S.C. Garman and M. Molinari (2005). “The glycan code of the endoplasmic reticulum: asparagine-linked carbohydrates as protein maturation and quality-control tags.” *Trends Cell Biol* 15 (7): 364–370.
 - Shental-Bechor, D. and Y. Levy (2009). “Folding of glycoproteins: toward understanding the biophysics of the glycosylation code.” *Current Opinion in Structural Biology* 19 (5): 524–533.
 - Becer, C.R. (2012). “The glycopolymer code: synthesis of glycopolymers and multivalent carbohydrate-lectin interactions.” *Macromol Rapid Commun* 33 (9): 742–752.

- Ellis, C.R. and W.G. Noid (2014). “Deciphering the glycosylation code.” *J Phys Chem B* 118 (39): 11462–11469.
- Dumych, T., C. Bridot, S.G. Gouin, M.F. Lensink, S. Paryzhak, S. Szunerits, R. Blossey, R. Bilyy, J. Bouckaert and E.M. Krammer (2018). “A Novel Integrated Way for Deciphering the Glycan Code for the FimH Lectin.” *Molecules* 23 (11).
- Rodriguez, E., K. Boelaars, K. Brown, K. Madunić, T. van Ee, F. Dijk, J. Verheij, R.J. E. Li, S.T. T. Schetters, L.L. Meijer, T.Y. S. Le Large, E. Driehuis, H. Clevers, S.C. M. Bruijns, T. O’Toole, S.J. van Vliet, M.F. Bijlsma, M. Wuhrer, G. Kazemier, E. Giovannetti, J.J. Garcia-Vallejo and Y. van Kooyk (2022). “Analysis of the glyco-code in pancreatic ductal adenocarcinoma identifies glycan-mediated immune regulatory circuits.” *Commun Biol* 5 (1): 41.
- Wisnovsky, S. and C.R. Bertozzi (2022). “Reading the glyco-code: New approaches to studying protein-carbohydrate interactions.” *Curr Opin Struct Biol* 75: 102395.
- Growth code / код роста
- Ottoson, D. (1999). “The unravelling of the code of nerve growth: a modern Saga of the dedication to science.” *Brain Res Bull* 50 (5–6): 473–474.
- Erland, L.A. E., C.E. Turi, P.K. Saxena and S.J. Murch (2020). “Metabolomics and hormonomics to crack the code of filbert growth.” *Metabolomics* 16 (5): 62.
- GRP code / код рецепторов, сопряженных с G-белком
- Tan, E.S., E.S. Groban, M.P. Jacobson and T.S. Scanlan (2008). “Toward deciphering the code to aminergic G protein-coupled receptor drug design.” *Chem Biol* 15 (4): 343–353.
- Butcher, A.J., R. Prihandoko, K.C. Kong, P. McWilliams, J.M. Edwards, A. Bottrill, S. Mistry and A.B. Tobin (2011). “Differential G-protein-coupled receptor phosphorylation provides evidence for a signaling bar code.” *J Biol Chem* 286 (13): 11506–11518.
- Gough, N.R. (2011). “Focus issue: Cracking the G protein-coupled receptor code.” *Sci Signal* 4 (185): eg7.
- Hearing code / слуховой код
- Cremers, C.W. (2000). “Hearing: cracking the code.” *J Laryngol Otol* 114 (1): 6–16.
- Hidden protein code / код скрытых онкобелков
- Baker, M. (2010). “Hidden code in the protein code.” *Nature Methods* 7 (11): 874–874.
- Weatheritt, R.J. and M.M. Babu (2013). “The Hidden Codes That Shape Protein Evolution.” *Science* 342 (6164): 1325–1326.
- Hippocampal code / гиппокампальный код
- Jensen, O. (2005). “Reading the hippocampal code by theta phase-locking.” *Trends Cogn Sci* 9 (12): 551–553.

- Tsanov, M. (2015). “Septo-hippocampal signal processing: breaking the code.” *Prog Brain Res* 219: 103–120.
- Histone code – A (general) / код гистонов – А (общий)
- Strahl, B.D. and C.D. Allis (2000). “The language of covalent histone modifications.” *Nature* 403 (6765): 41–45.
- Turner, B.M. (2000). “Histone acetylation and an epigenetic code.” *Bioessays* 22 (9): 836–845.
- Jenuwein, T. and C.D. Allis (2001). “Translating the histone code.” *Science* 293 (5532): 1074–1080.
- Turner, B.M. (2002). “Cellular memory and the histone code.” *Cell* 111 (3): 285–291.
- Cosgrove, M.S., J.D. Boeke and C. Wolberger (2004). “Regulated nucleosome mobility and the histone code.” *Nature Structural & Molecular Biology* 11 (11): 1037–1043.
- Wang, Y., W. Fischle, W. Cheung, S. Jacobs, S. Khorasanizadeh and C.D. Allis (2004). “Beyond the double helix: writing and reading the histone code.” *Novartis Found Symp* 259: 3–17; discussion 17–21, 163–169.
- de la Cruz, X., S. Lois, S. Sánchez-Molina and M.A. Martínez-Balbás (2005). “Do protein motifs read the histone code?” *BioEssays* 27 (2): 164–175.
- Hartman, H.B., J. Yu, T. Alenghat, T. Ishizuka and M.A. Lazar (2005). “The histone-binding code of nuclear receptor co-repressors matches the substrate specificity of histone deacetylase 3.” *EMBO Rep* 6 (5): 445–45
- Ivanovska, I., T. Khandan, T. Ito and T.L. Orr-Weaver (2005). “A histone code in meiosis: the histone kinase, Nhk-1, is required for proper chromosomal architecture in *Drosophila* oocytes.” *Genes Dev* 19 (21): 2571–2582.
- Margueron, R., P. Trojer and D. Reinberg (2005). “The key to development: interpreting the histone code?” *Curr Opin Genet Dev* 15 (2): 163–176.
- Morris, K.V. (2005). “siRNA-mediated transcriptional gene silencing: the potential mechanism and a possible role in the histone code.” *Cell Mol Life Sci* 62 (24): 3057–3066.
- Yoon, H.G., Y. Choi, P.A. Cole and J. Wong (2005). “Reading and function of a histone code involved in targeting corepressor complexes for repression.” *Mol Cell Biol* 25 (1): 324–335.
- Iñiguez-Lluhí, J.A. (2006). “For a healthy histone code, a little SUMO in the tail keeps the acetyl away.” *ACS Chem Biol* 1 (4): 204–206.
- Valley, C.M., L.M. Pertz, B.S. Balakumaran and H.F. Willard (2006). “Chromosome-wide, allele-specific analysis of the histone code on the human X chromosome.” *Hum Mol Genet* 15 (15): 2335–2347.
- Turner, B.M. (2007). “Defining an epigenetic code.” *Nature Cell Biology* 9 (1): 2–6.
- Comeaux, C.A. and M.T. Duraisingh (2007). “Unravelling a histone code for malaria virulence.” *Mol Microbiol* 66 (6): 1291–1295.

- Yue, W.W., M. Hassler, S.M. Roe, V. Thompson-Vale and L.H. Pearl (2007). “Insights into histone code syntax from structural and biochemical studies of CARM1 methyltransferase.” *Embo j* 26 (20): 4402–4412.
- Boussoar, F., S. Rousseaux and S. Khochbin (2008). “A new insight into male genome reprogramming by histone variants and histone code.” *Cell Cycle* 7 (22): 3499–3502.
- Fillingham, J. and J.F. Greenblatt (2008). “A histone code for chromatin assembly.” *Cell* 134 (2): 206–208.
- Godde, J.S. and K. Ura (2008). “Cracking the enigmatic linker histone code.” *J Biochem* 143 (3): 287–293.
- Lukas, J. and J. Bartek (2008). “DNA damage: a histone-code mediator leaves the stage.” *Nat Struct Mol Biol* 15 (5): 430–432.
- Raychaudhuri, N., S. Raychaudhuri, M. Thamocharan and S.U. Devaskar (2008). “Histone code modifications repress glucose transporter 4 expression in the intrauterine growth-restricted offspring.” *J Biol Chem* 283 (20): 13611–13626.
- Sanchez Mde, L. and C. Gutierrez (2009). “Novel insights into the plant histone code: lessons from ORC1.” *Epigenetics* 4 (4): 205–208.
- Koshibu, K., J. Gräff, M. Beullens, F.D. Heitz, D. Berchtold, H. Russig, M. Farinelli, M. Bollen and I.M. Mansuy (2009). “Protein phosphatase 1 regulates the histone code for long-term memory.” *J Neurosci* 29 (41): 13079–13089.
- Zippo, A., R. Serafini, M. Rocchigiani, S. Pennacchini, A. Krepelova and S. Oliviero (2009). “Histone crosstalk between H3 S10 ph and H4 K16 ac generates a histone code that mediates transcription elongation.” *Cell* 138 (6): 1122–1136.
- Sakabe, K., Z. Wang and G.W. Hart (2010). “Beta-N-acetylglucosamine (O-GlcNAc) is part of the histone code.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 107 (46): 19915–19920.
- Cosgrove, M.S. (2012). “Writers and readers: deconvoluting the harmonic complexity of the histone code.” *Nat Struct Mol Biol* 19 (8): 739–740.
- Rusk, N. (2012). “Writing the histone code.” *Nat Methods* 9 (8): 777.
- Teng, L. and K. Tan (2012). “Finding combinatorial histone code by semi-supervised biclustering.” *BMC Genomics* 13: 301.
- Crea, F. (2012). “Histone code, human growth and cancer.” *Oncotarget* 3 (1): 1–2.
- Chen, H., S. Lonardi and J. Zheng (2014). “Deciphering histone code of transcriptional regulation in malaria parasites by large-scale data mining.” *Comput Biol Chem* 50: 3–10.
- Dehennaut, V., D. Leprince and T. Lefebvre (2014). “O-GlcNAcylation, an Epigenetic Mark. Focus on the Histone Code, TET Family Proteins, and Polycomb Group Proteins.” *Front Endocrinol (Lausanne)* 5: 155.
- Inamochi, Y., K. Mochizuki and T. Goda (2014). “Histone code of genes induced by co-treatment with a glucocorticoid hormone agonist and a p44/42 MAPK inhibitor in human small intestinal Caco-2 cells.” *Biochim Biophys Acta* 1840 (1): 693–700.

- Kühn, S. and J.-H.S. Hofmeyr (2014). “Is the ‘Histone Code’ an Organic Code?” *Biosemiotics* 7 (2): 203–222.
- Zuchegna, C., F. Aceto, A. Bertoni, A. Romano, B. Perillo, P. Laccetti, M.E. Gottesman, E.V. Avvedimento and A. Porcellini (2014). “Mechanism of retinoic acid-induced transcription: histone code, DNA oxidation and formation of chromatin loops.” *Nucleic Acids Res* 42 (17): 11040–11055.
- Fischle, W., H.D. Mootz and D. Schwarzer (2015). “Synthetic histone code.” *Curr Opin Chem Biol* 28: 131–140.
- Sidoli, S. and B.A. Garcia (2015). “Properly reading the histone code by MS-based proteomics.” *Proteomics* 15(17): 2901–2902.
- Soffers, J.H., X. Li, S.M. Abmayr and J.L. Workman (2016). “Reading and Interpreting the Histone Acylation Code.” *Genomics Proteomics Bioinformatics* 14 (6): 329–332.
- Wang, D., N. Kon and W. Gu (2016). “Acidic domains: ‘converse readers’ for acetylation code.” *Oncotarget* 7 (49): 80101–80102.
- Chang, H.W. and V.M. Studitsky (2017). “Chromatin replication: TRANSMITTING the histone code.” *J Nat Sci* 3 (2).
- Salomé, P.A. (2017). “Know Your Histone (Zip) Code: Flowering Time and Phosphorylation of Histone H2 A on Serine 95.” *Plant Cell* 29 (9): 2084–2085.
- Aldrich, J.C., A. Leibholz, M.S. Cheema, J. Ausió and P.M. Ferree (2017). “A ‘selfish’ B chromosome induces genome elimination by disrupting the histone code in the jewel wasp *Nasonia vitripennis*.” *Sci Rep* 7: 42551.
- Prakash, K. and D. Fournier (2018). “Evidence for the implication of the histone code in building the genome structure.” *Biosystems* 164: 49–59.
- Wang, C. and S. Zhang (2018). “Reveal cell type-specific regulatory elements and their characterized histone code classes via a hidden Markov model.” *BMC Genomics* 19 (Suppl 10): 903.
- Farrelly, L.A. and I. Maze (2019). “An emerging perspective on ‘histone code’ mediated regulation of neural plasticity and disease.” *Curr Opin Neurobiol* 59: 157–163.
- Bano, D., P. Salomoni, D. Ehninger and P. Nicotera (2021). “The histone code in dementia: Transcriptional and chromatin plasticity fades away.” *Curr Opin Pharmacol* 60: 117–122.
- von Grüning, H., M. Coradin, M.R. Mendoza, J. Reader, S. Sidoli, B.A. Garcia and L.M. Birkholtz (2022). “A Dynamic and Combinatorial Histone Code Drives Malaria Parasite Asexual and Sexual Development.” *Mol Cell Proteomics* 21 (3): 100199.
- Histone code – B (enhancer) / код гистонов – B (энхансер)
 - Ay, A. and D.N. Arnosti (2010). “Nucleosome positioning: an essential component of the enhancer regulatory code?” *Curr Biol* 20 (9): R404–406.
 - Allende, M.L., M. Manzanares, J.J. Tena, C.G. Feijóo and J.L. Gómez-Skarmeta (2006). “Cracking the genome’s second code: enhancer

detection by combined phylogenetic footprinting and transgenic fish and frog embryos.” *Methods* 39 (3): 212–219.

○ Rastegar, S., I. Hess, T. Dickmeis, J.C. Nicod, R. Ertzer, Y. Hadzhiev, W.G. Thies, G. Scherer and U. Strähle (2008). “The words of the regulatory code are arranged in a variable manner in highly conserved enhancers.” *Dev Biol* 318 (2): 366–377.

○ Betancur, P., M. Bronner-Fraser and T. Sauka-Spengler (2010). “Genomic code for Sox10 activation reveals a key regulatory enhancer for cranial neural crest.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 107 (8): 3570–3575.

○ Lau, P.N. and P. Cheung (2011). “Histone code pathway involving H3 S28 phosphorylation and K27 acetylation activates transcription and antagonizes polycomb silencing.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 108 (7): 2801–2806.

○ Aksoy, I., R. Jauch, J. Chen, M. Dyla, U. Divakar, G.K. Bogu, R. Teo, C.K. Leng Ng, W. Herath, S. Lili, A.P. Hutchins, P. Robson, P.R. Kolatkar and L.W. Stanton (2013). “Oct4 switches partnering from Sox2 to Sox17 to reinterpret the enhancer code and specify endoderm.” *Embo j* 32 (7): 938–953.

○ Zhou, J. and O.G. Troyanskaya (2016). “Probabilistic modelling of chromatin code landscape reveals functional diversity of enhancer-like chromatin states.” *Nat Commun* 7: 10528.

○ Wong, E.S., D. Zheng, S.Z. Tan, N.L. Bower, V. Garside, G. Vanwalleghem, F. Gaiti, E. Scott, B.M. Hogan, K. Kikuchi, E. McGlenn, M. Francois and B.M. Degnan (2020). “Deep conservation of the enhancer regulatory code in animals.” *Science* 370 (6517).

○ Wolfe, J.C., L.A. Mikheeva, H. Hagrass and N.R. Zabet (2021). “An explainable artificial intelligence approach for decoding the enhancer histone modifications code and identification of novel enhancers in *Drosophila*.” *Genome Biol* 22 (1): 308.

• Histone code – C (trans) / код гистонов – C (транс)

○ Sims, J.K., S.I. Houston, T. Magazinnik and J.C. Rice (2006). “A trans-tail histone code defined by monomethylated H4 Lys-20 and H3 Lys-9 demarcates distinct regions of silent chromatin.” *J Biol Chem* 281 (18): 12760–12766.

○ Sims, J.K. and J.C. Rice (2008). “PR-Set7 establishes a repressive trans-tail histone code that regulates differentiation.” *Mol Cell Biol* 28 (14): 4459–4468.

○ Congdon, L.M., J.K. Sims, C.T. Tuzon and J.C. Rice (2014). “The PR-Set7 binding domain of Riz1 is required for the H4 K20 me1-H3 K9 me1 trans-tail ‘histone code’ and Riz1 tumor suppressor function.” *Nucleic Acids Res* 42 (6): 3580–3589.

○ Bhanu, N.V., S. Sidoli, Z.F. Yuan, R.C. Molden and B.A. Garcia (2019). “Regulation of proline-directed kinases and the trans-histone code H3 K9 me3/H4 K20 me3 during human myogenesis.” *J Biol Chem* 294 (20): 8296–8308.

- Histone code – D (reader) / код гистонов – D (считыватель)
 - Gao, C., J.M. Herold and D. Kireev (2012). “Assessment of free energy predictors for ligand binding to a methyllysine histone code reader.” *J Comput Chem* 33 (6): 659–665.
 - Franz, H., H. Greschik, D. Willmann, L. Ozretić, C.A. Jilg, E. Wardelmann, M. Jung, R. Buettner and R. Schüle (2015). “The histone code reader SPIN1 controls RET signaling in liposarcoma.” *Oncotarget* 6 (7): 4773–4789.
 - Kim, C.H., J.W. Kim, S.M. Jang, J.H. An, S.B. Seo and K.H. Choi (2015). “The chromodomain-containing histone acetyltransferase TIP60 acts as a code reader, recognizing the epigenetic codes for initiating transcription.” *Biosci Biotechnol Biochem* 79 (4): 532–538.
 - Greschik, H., D. Duteil, N. Messaddeq, D. Willmann, L. Arrigoni, M. Sum, M. Jung, D. Metzger, T. Manke, T. Günther and R. Schüle (2017). “The histone code reader Spin1 controls skeletal muscle development.” *Cell Death Dis* 8 (11): e3173.
 - Wei, W., J.J. Tao, H.W. Chen, Q.T. Li, W.K. Zhang, B. Ma, Q. Lin, J.S. Zhang and S.Y. Chen (2017). “A Histone Code Reader and a Transcriptional Activator Interact to Regulate Genes for Salt Tolerance.” *Plant Physiol* 175 (3): 1304–1320.
 - Molnar, C., J.P. Heinen, J. Reina, S. Llamazares, E. Palumbo, A. Breschi, M. Gay, L. Villarreal, M. Vilaseca, G. Pollarolo and C. Gonzalez (2019). “The histone code reader PHD finger protein 7 controls sex-linked disparities in gene expression and malignancy in *Drosophila*.” *Sci Adv* 5 (8): eaaw7965.
 - Li, D., J. Guo and R. Jia (2021). “Histone code reader SPIN1 is a promising target of cancer therapy.” *Biochimie* 191: 78–86.
- Histone sub-code / субкод гистона
 - Lomberk, G., D. Bensi, M.E. Fernandez-Zapico and R. Urrutia (2006). “Evidence for the existence of an HP1-mediated subcode within the histone code.” *Nat Cell Biol* 8 (4): 407–415.
- Homeokinetic code / код гомеокинеза
 - Que, C.L., G. Maksym and P.T. Macklem (2000). “Deciphering the homeokinetic code of airway smooth muscle.” *Am J Respir Crit Care Med* 161 (3 Pt 2): S161–163.
- Hormone code / гормональный код
 - Kodama, M. and T. Kodama (1994). “An essay on the nature of hormonal codes involved in the genesis of human neoplasias (review).” *Anticancer research* 14 (6 B): 2653–2665.
 - Jorgensen, J.S., C.C. Quirk and J.H. Nilson (2004). “Multiple and Overlapping Combinatorial Codes Orchestrate Hormonal Responsiveness and Dictate Cell-Specific Expression of the Genes Encoding Luteinizing Hormone.” *Endocrine Reviews* 25 (4): 521–542.

- Bianco, A.C. (2011). “Minireview: Cracking the Metabolic Code for Thyroid Hormone Signaling.” *Endocrinology* 152 (9): 3306–3311.
- Russo, S.C., F. Salas-Lucia and A.C. Bianco (2021). “Deiodinases and the Metabolic Code for Thyroid Hormone Action.” *Endocrinology* 162 (8).
 - HOX code – A (general) / код гомеозисных генов – A (общий)
- Kessel, M. and P. Gruss (1991). “Homeotic transformations of murine vertebrae and concomitant alteration of Hox codes induced by retinoic acid.” *Cell* 67 (1): 89–104.
- Marshall, H., S. Nonchev, M.H. Sham, I. Muchamore, A. Lumsden and R. Krumlauf (1992). “Retinoic acid alters hindbrain Hox code and induces transformation of rhombomeres 2/3 into a 4/5 identity.” *Nature* 360 (6406): 737–741.
- Bayascas, J.R., E. Castillo and E. Saló (1998). “Platyhelminthes have a Hox code differentially activated during regeneration, with genes closely related to those of spiralian protostomes.” *Development Genes and Evolution* 208 (8): 467–473.
- Pitera, J.E., V.V. Smith, P. Thorogood and P.J. Milla (1999). “Coordinated expression of 3’ hox genes during murine embryonal gut development: an enteric Hox code.” *Gastroenterology* 117 (6): 1339–1351.
- Kawazoe, Y., T. Sekimoto, M. Araki, K. Takagi, K. Araki and K. Yamamura (2002). “Region-specific gastrointestinal Hox code during murine embryonal gut development.” *Dev Growth Differ* 44 (1): 77–84.
- Shimizu, T., Y.K. Bae and M. Hibi (2006). “Cdx-Hox code controls competence for responding to Fgfs and retinoic acid in zebrafish neural tissue.” *Development* 133 (23): 4709–4719.
- Ryan, J.F., M.E. Mazza, K. Pang, D.Q. Matus, A.D. Baxevanis, M.Q. Martindale and J.R. Finnerty (2007). “Pre-bilaterian origins of the Hox cluster and the Hox code: evidence from the sea anemone, *Nematostella vectensis*.” *PloS One* 2 (1): e153.
- Liedtke, S., A. Buchheiser, J. Bosch, F. Bosse, F. Kruse, X. Zhao, S. Santourlidis and G. Kögler (2010). “The HOX Code as a “biological fingerprint” to distinguish functionally distinct stem cell populations derived from cord blood.” *Stem Cell Research* 5 (1): 40–50.
- Mukaigasa, K., C. Sakuma, T. Okada, S. Homma, T. Shimada, K. Nishiyama, N. Sato and H. Yaginuma (2017). “Motor neurons with limb-innervating character in the cervical spinal cord are sculpted by apoptosis based on the Hox code in chick embryo.” *Development* 144 (24): 4645–4657.
- Bálint, M., I. Horváth, N. Mészáros and C. Hetényi (2019). “Towards Unraveling the Histone Code by Fragment Blind Docking.” *Int J Mol Sci* 20(2).
- Devi, M.S., R. Meiguilungpou, A.L. Sharma, C. Anjali, K.M. Devi, L.S. Singh and T.R. Singh (2019). “Spindlin docking protein (SPIN.DOC) interaction with SPIN1 (a histone code reader) regulates Wnt signaling.” *Biochem Biophys Res Commun* 511 (3): 498–503.

- Tomoyasu, Y. (2020). “Breaking bad in the rice field by breaking the Hox code.” *Natl Sci Rev* 7 (10): 1616.
- HOX code – B (Pattern) / код гомеозисных генов – B (паттерн)
- Hunt, P., J. Whiting, S. Nonchev, M.-H. Sham, H. Marshall, A. Graham, M. Cook, R. Allemann, P.W. J. Rigby, M. Gulisano, A. Faiella, E. Boncinelli and R. Krumlauf (1991). “The branchial Hox code and its implications for gene regulation, patterning of the nervous system and head evolution.” *Development* 113 (Supplement 2): 63–77.
- Hunt, P., J.D. Clarke, P. Buxton, P. Ferretti and P. Thorogood (1998). “Stability and plasticity of neural crest patterning and branchial arch Hox code after extensive cephalic crest rotation.” *Dev Biol* 198 (1): 82–104.
- Sekimoto, T., K. Yoshinobu, M. Yoshida, S. Kuratani, S. Fujimoto, M. Araki, N. Tajima, K. Araki and K. Yamamura (1998). “Region-specific expression of murine Hox genes implies the Hox code-mediated patterning of the digestive tract.” *Genes Cells* 3 (1): 51–64.
- Woltering, J.M., F.J. Vonk, H. Müller, N. Bardine, I.L. Tuduca, M.A. de Bakker, W. Knöchel, I.O. Sirbu, A.J. Durston and M.K. Richardson (2009). “Axial patterning in snakes and caecilians: evidence for an alternative interpretation of the Hox code.” *Dev Biol* 332 (1): 82–89.
- Oulion, S., V. Borday-Birraux, M. Debiais-Thibaud, S. Mazan, P. Laurenti and D. Casane (2011). “Evolution of repeated structures along the body axis of jawed vertebrates, insights from the *Scyliorhinus canicula* Hox code.” *Evol Dev* 13 (3): 247–259.
- Nishimoto, S., C. Minguillon, S. Wood and M.P. Logan (2014). “A combination of activation and repression by a colinear Hox code controls forelimb-restricted expression of *Tbx5* and reveals Hox protein specificity.” *PLoS Genet* 10 (3): e1004245.
- Matsuda, R., C. Hosono, K. Saigo and C. Samakovlis (2015). “The intersection of the extrinsic hedgehog and WNT/wingless signals with the intrinsic Hox code underpins branching pattern and tube shape diversity in the *Drosophila* airways.” *PloS Genet* 11 (1): e1004929.
- He, S., F. Del Viso, C.Y. Chen, A. Ikmi, A.E. Kroesen and M.C. Gibson (2018). “An axial Hox code controls tissue segmentation and body patterning in *Nematostella vectensis*.” *Science* 361 (6409): 1377–1380.
- HOX code – C (disease) / код гомеозисных генов – C (заболевание)
- Cheng, S., S. Yang, Y. Shi, R. Shi, Y. Yeh and X. Yu (2021). “Neuroendocrine prostate cancer has distinctive, non-prostatic HOX code that is represented by the loss of HOXB13 expression.” *Sci Rep* 11 (1): 2778.
- Hypothalamic code / гипоталамический код
- Bhumbra, G.S. and R.E. Dyball (2010). “Reading between the spikes of the hypothalamic neural code.” *J Neuroendocrinol* 22 (12): 1239–1250.
- Identity code / код идентичности
- Santa-Olalla, J., J.M. Baizabal, M. Fregoso, M. del Carmen Cárdenas and L. Covarrubias (2003). “The in vivo positional identity gene expression

code is not preserved in neural stem cells grown in culture.” *Eur J Neurosci* 18 (5): 1073–1084.

- Serizawa, S., K. Miyamichi, H. Takeuchi, Y. Yamagishi, M. Suzuki and H. Sakano (2006). “A neuronal identity code for the odorant receptor-specific and activity-dependent axon sorting.” *Cell* 127 (5): 1057–1069

- Brill, M.S., M. Snapyan, H. Wohlfrom, J. Ninkovic, M. Jawerka, G.S. Mastick, R. Ashery-Padan, A. Saghatelian, B. Berninger and M. Götz (2008). “A *dlx2*- and *pax6*-dependent transcriptional code for periglomerular neuron specification in the adult olfactory bulb.” *J Neurosci* 28 (25): 6439–6452.

- Rhodes, G., E. Jaquet, L. Jeffery, E. Evangelista, J. Keane and A.J. Calder (2011). “Sex-specific norms code face identity.” *J Vis* 11 (1): 1.

- Menendez, J.A. and T. Alarcón (2016). “Nuclear reprogramming of cancer stem cells: Corrupting the epigenetic code of cell identity with oncometabolites.” *Mol Cell Oncol* 3 (6): e1160854.

- Guo, T., G. Liu, H. Du, Y. Wen, S. Wei, Z. Li, G. Tao, Z. Shang, X. Song, Z. Zhang, Z. Xu, Y. You, B. Chen, J.L. Rubenstein and Z. Yang (2019). “*Dlx1/2* are Central and Essential Components in the Transcriptional Code for Generating Olfactory Bulb Interneurons.” *Cereb Cortex* 29 (11): 4831–4849.

- Immune code / иммунный код

- Jakobiec, F.A. and P. Henkind (1981). “The Graves’ enigma: breaking an immunological code.” *Ophthalmology* 88 (6): 26 a-27 a.

- Prodi, G. (1988). *Signs and Codes in Immunology. The Semiotics of Cellular Communication in the Immune System*, Berlin, Heidelberg, Springer Berlin Heidelberg.

- Pakravan, N., A.T. Hassan and Z.M. Hassan (2007). “Naturally occurring self-reactive CD4+CD25+ regulatory T cells: universal immune code.” *Cell Mol Immunol* 4 (3): 197–201.

- Neuman, Y. (2008). *The Immune Self Code: From Correspondence to Complexity. The Codes of Life: The Rules of Macroevolution*. M. Barbieri and J. Hoffmeyer. Dordrecht, Springer Netherlands: 247–263.

- Sioud, M. (2009). “Deciphering the code of innate immunity recognition of siRNAs.” *Methods Mol Biol* 487: 41–59.

- Belkaid, Y. and J. Grainger (2013). “Immunology. Mucus coat, a dress code for tolerance.” *Science* 342 (6157): 432–433.

- Harvey, C.J. and K.W. Wucherpfennig (2013). “Cracking the code of human T-cell immunity.” *Nat Biotechnol* 31 (7): 609–610.

- Xu, H., P. Dong, X. He, X. Ma, D. Xue, Y. Zhang and X. Zhang (2014). “B-cell-activating factor code and human cytomegalovirus infection in renal transplant recipients.” *Microbiol Immunol* 58 (8): 439–448.

- Kim, M.-S., W. Chuenchor, X. Chen, Y. Cui, X. Zhang, Z.H. Zhou, M. Gellert and W. Yang (2018). “Cracking the DNA Code for V (D)J Recombination.” *Molecular Cell* 70 (2): 358–370. e354.

- Assi, T. (2019). “Are targeted agents the key to unlock the code for immune checkpoint inhibitors in soft-tissue sarcomas?” *Future Oncol* 15 (28): 3185–3187.
- Chi, X., Y. Li and X. Qiu (2020). “V (D)J recombination, somatic hypermutation and class switch recombination of immunoglobulins: mechanism and regulation.” *Immunology* 160 (3): 233–247.
- Griffin, T.M. and R.J. Lories (2020). “Cracking the code on the innate immune program in OA.” *Osteoarthritis Cartilage* 28 (5): 529–531.
- Aleahmad, M., M. Bozorgmehr, S. Nikoo, A. Ghanavatinejad, M.R. Shokri, S. Montazeri, F. Shokri and A.H. Zarnani (2021). “Endometrial mesenchymal stem/stromal cells: The Enigma to code messages for generation of functionally active regulatory T cells.” *Stem Cell Res Ther* 12 (1): 536.
 - Importin code / код импортина
- Lu, M., J. Zak, S. Chen, L. Sanchez-Pulido, D.T. Severson, J. Endicott, C.P. Ponting, C.J. Schofield and X. Lu (2014). “A code for RanGDP binding in ankyrin repeats defines a nuclear import pathway.” *Cell* 157 (5): 1130–1145.
- Lever, M.B., A. Karpova and M.R. Kreutz (2015). “An Importin Code in neuronal transport from synapse-to-nucleus?” *Front Mol Neurosci* 8: 33.
 - Imprinting code / код импринтинга
- Vu, T.H., R.L. Jirtle and A.R. Hoffman (2006). “Cross-species clues of an epigenetic imprinting regulatory code for the IGF2 R gene.” *Cytogenetic and Genome Research* 113 (1–4): 202–208.
 - Impulsive codes / импульсивные коды
- Tsutsui-Kimura, I., Y. Ohmura, T. Izumi, T. Matsushima, H. Amita, T. Yamaguchi, T. Yoshida and M. Yoshioka (2016). “Neuronal codes for the inhibitory control of impulsive actions in the rat infralimbic cortex.” *Behavioural Brain Research* 296: 361–372.
 - Indole code / код индола
- Fu, S.F., J.Y. Wei, H.W. Chen, Y.Y. Liu, H.Y. Lu and J.Y. Chou (2015). “Indole-3-acetic acid: A widespread physiological code in interactions of fungi with other organisms.” *Plant Signal Behav* 10 (8): e1048052.
 - Inflammation code / код воспаления
- Amagai, M. (2016). “Cracking the code of skin inflammation with CD1 a.” *Nat Immunol* 17 (10): 1133–1134.
 - Invasion codes / код инвазии
- Aldhous, P. (1993). “Breaking the code for the tuberculosis invasion.” *Science* 261 (5127): 1390.
 - Ion channel code / код ионных каналов
- Barakat, A.I., D.K. Lieu and A. Gojova (2006). “Secrets of the code: do vascular endothelial cells use ion channels to decipher complex flow signals?” *Biomaterials* 27 (5): 671–678.

- Irisin code / код иризина
 - Ma, C., H. Ding, Y. Deng, H. Liu, X. Xiong and Y. Yang (2021). “Irisin: A New Code Uncover the Relationship of Skeletal Muscle and Cardiovascular Health During Exercise.” *Frontiers in Physiology* 12.
- Karyotype code / код кариотипа
 - Heng, H.H., G. Liu, J.B. Stevens, S.W. Bremer, K.J. Ye, B.Y. Abdallah, S.D. Horne and C.J. Ye (2011). “Decoding the genome beyond sequencing: the new phase of genomic research.” *Genomics* 98 (4): 242–252.
 - Ye, C.J., L. Stilgenbauer, A. Moy, G. Liu and H.H. Heng (2019). “What Is Karyotype Coding and Why Is Genomic Topology Important for Cancer and Evolution?” *Front Genet* 10: 1082.
 - Heng, J. and H.H. Heng (2021). “Karyotype coding: The creation and maintenance of system information for complexity and biodiversity.” *Biosystems* 208: 104476.
- Kinase code / код киназов
 - Tengholm, A. and T. Meyer (2002). “A PI3-kinase signaling code for insulin-triggered insertion of glucose transporters into the plasma membrane.” *Curr Biol* 12 (21): 1871–1876.
 - Bou-Nader, C., J.M. Gordon, F.E. Henderson and J. Zhang (2019). “The search for a PKR code-differential regulation of protein kinase R activity by diverse RNA and protein regulators.” *Rna* 25 (5): 539–556.
- Lamin code / код ламина
 - Maraldi, N.M. (2018). “The lamin code.” *Biosystems* 164: 68–75.
- Language code / языковой код
 - Javier, R.A. and L.R. Marcos (1989). “The role of stress on the language-independence and code-switching phenomena.” *J Psycholinguist Res* 18 (5): 449–472.
 - Baron-Cohen, S., D.A. Baldwin and M. Crowson (1997). “Do children with autism use the speaker's direction of gaze strategy to crack the code of language?” *Child Dev* 68 (1): 48–57.
 - McNealy, K., J.C. Mazziotta and M. Dapretto (2006). “Cracking the language code: neural mechanisms underlying speech parsing.” *J Neurosci* 26 (29): 7629–7639.
 - Love, N. (2007). “Are languages digital codes?” *Language Sciences* 29 (5): 690–709.
 - Cowley, S.J. (2008). *The Codes of Language: Turtles All the Way Up? The Codes of Life.*
 - *The Rules of Macroevolution.* M. Barbieri and J. Hoffmeyer. Dordrecht, Springer Netherlands: 319–345.
 - Ng, S., C. Gonzalez and N.Y. Wicha (2014). “The fox and the cabra: an ERP analysis of reading code switched nouns and verbs in bilingual short stories.” *Brain Res* 1557: 127–140.
 - Guevara Erra, R. and J. Gervain (2016). “The Efficient Coding of Speech: Cross-Linguistic Differences.” *PLOS ONE* 11 (2): e0148861.

- Adler, R.M., J.R. Valdés Kroff and J.M. Novick (2020). “Does integrating a code-switch during comprehension engage cognitive control?” *J Exp Psychol Learn Mem Cogn* 46 (4): 741–759.
- Emmorey, K., C. Li, J. Petrich and T.H. Gollan (2020). “Turning languages on and off: Switching into and out of code-blends reveals the nature of bilingual language control.” *J Exp Psychol Learn Mem Cogn* 46 (3): 443–454.
- Kheder, S. and E. Kaan (2021). “Cognitive control in bilinguals: Proficiency and code-switching both matter.” *Cognition* 209: 104575.
- Blackburn, A.M. and N.Y. Y. Wicha (2022). “The Effect of Code-Switching Experience on the Neural Response Elicited to a Sentential Code Switch.” *Languages (Basel)* 7 (3).
- Gross, M.C. and M. Kaushanskaya (2022). “Language Control and Code-Switching in Bilingual Children With Developmental Language Disorder.” *J Speech Lang Hear Res* 65 (3): 1104–1127.
 - Latency code / код инкубационного периода
- Sawtell, N.B., A. Williams, P.D. Roberts, G. von der Emde and C.C. Bell (2006). “Effects of sensing behavior on a latency code.” *J Neurosci* 26 (32): 8221–8234.
 - Life cycle code / код жизненного цикла
- Liu, J. (2020). “The “life code”: A theory that unifies the human life cycle and the origin of human tumors.” *Semin Cancer Biol* 60: 380–397.
 - Light code / световой код
- Moro, C., A. Liebert, C. Hamilton, N. Pasqual, G. Jeffery, J. Stone and J. Mitrofanis (2022). “The code of light: do neurons generate light to communicate and repair?” *Neural Regen Res* 17 (6): 1251–1252.
 - Lipid code / липидный код
- Zhou, Y. and J.F. Hancock (2018). “Deciphering lipid codes: K-Ras as a paradigm.” *Traffic* 19 (3): 157–165.
 - Platre, M.P., L.C. Noack, M. Doumane, V. Bayle, M.L. A. Simon, L. Maneta-Peyret, L. Fouillen, T. Stanislas, L. Armengot, P. Pejchar, M.C. Caillaud, M. Potocký, A. Čopič, P. Moreau and Y. Jaillais (2018). “A Combinatorial Lipid Code Shapes the Electrostatic Landscape of Plant Endomembranes.” *Dev Cell* 45 (4): 465–480. e411.
 - Schuhmacher, M., A.T. Grasskamp, P. Barahatjan, N. Wagner, B. Lombardot, J.S. Schuhmacher, P. Sala, A. Lohmann, I. Henry, A. Shevchenko, Ü. Coskun, A.M. Walter and A. Nadler (2020). “Live-cell lipid biochemistry reveals a role of diacylglycerol side-chain composition for cellular lipid dynamics and protein affinities.” *Proceedings of the National Academy of Sciences* 117 (14): 7729–7738.
 - Zhou, Y. and J.F. Hancock (2020). “A novel prenyl-polybasic domain code determines lipid-binding specificity of the K-Ras membrane anchor.” *Small GTPases* 11 (3): 220–224.

- Magnitude codes / магнитудные коды
 - Chiou, R.Y., E.C. Chang, O.J. Tzeng and D.H. Wu (2009). “The common magnitude code underlying numerical and size processing for action but not for perception.” *Exp Brain Res* 194 (4): 553–562.
 - Nieder, A. (2017). “Magnitude Codes for Cross-Modal Working Memory in the Primate Frontal Association Cortex.” *Front Neurosci* 11: 202.
- Meiosis codes / код мейоза
 - Kim, J.-M., H. Liu, M. Tazaki, M. Nagata and F. Aoki (2003). “Changes in histone acetylation during mouse oocyte meiosis.” *Journal of Cell Biology* 162 (1): 37–46.
 - Ivanovska, I., T. Khandan, T. Ito and T.L. Orr-Weaver (2005). “A histone code in meiosis: the histone kinase, NHK-1, is required for proper chromosomal architecture in *Drosophila* oocytes.” *Genes & Development* 19 (21): 2571–2582.
 - Xu, D., J. Bai, Q. Duan, M. Costa and W. Dai (2009). “Covalent modifications of histones during mitosis and meiosis.” *Cell Cycle* 8 (22): 3688–3694.
 - Ishiguro, K.-i., J. Kim, S. Fujiyama-Nakamura, S. Kato and Y. Watanabe (2011). “A new meiosis-specific cohesin complex implicated in the cohesin code for homologous pairing.” *EMBO reports* 12 (3): 267–275.
 - Wang, L., Z. Xu, M.B. Khawar, C. Liu and W. Li (2017). “The histone codes for meiosis.” *Reproduction* 154 (3): R65-R79.
- Melatonin codes / код мелатонина
 - Wayne, N.L., B. Malpaux and F.J. Karsch (1988). “How does melatonin code for day length in the ewe: duration of nocturnal melatonin release or coincidence of melatonin with a light-entrained sensitive period?” *Biol Reprod* 39 (1): 66–75.
 - Karsch, F.J., B. Malpaux, N.L. Wayne and J.E. Robinson (1988). “Characteristics of the melatonin signal that provide the photoperiodic code for timing seasonal reproduction in the ewe.” *Reprod Nutr Dev* (1980) 28 (2 b): 459–472.
 - Stehle, J.H., C. von Gall, C. Schomerus and H.W. Korf (2001). “Of rodents and ungulates and melatonin: creating a uniform code for darkness by different signaling mechanisms.” *J Biol Rhythms* 16 (4): 312–325.
- Membrane code / код мембраны
 - Halbhuber, K.J., W. Linss, N. Zimmermann, H. Oehring and L. Pätzold (1986). “Cytochemical and cellbiological investigations of the signal function of the erythrocyte plasmalemma—the membrane structure as code for cell life span.” *Acta Histochem Suppl* 33: 23–44.
 - Lundin, C., H. Kim, I. Nilsson, S.H. White and G. von Heijne (2008). “Molecular code for protein insertion in the endoplasmic reticulum membrane is similar for N (in)-C (out) and N (out)-C (in) transmembrane helices.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 105 (41): 15702–15707.

- Futerman, A.H. and M. Schuldiner (2010). “Lipids: The plasma membrane code.” *Nat Chem Biol* 6 (7): 487–488.
- Wells, J. (2013) *The Membrane Code: A Carrier of Essential Biological Information That Is Not Specified by DNA and Is Inherited Apart from It*. *Biological Information*: 474–488.
- Futerman, A.H. and M. Schuldiner (2010). “The plasma membrane code.” *Nature Chemical Biology* 6 (7): 487–488.
- Lamaze, C., N. Tardif, M. Dewulf, S. Vassilopoulos and C.M. Blouin (2017). “The caveolae dress code: structure and signaling.” *Curr Opin Cell Biol* 47: 117–125.
- Salzer, U., J. Kostan and K. Djinović-Carugo (2017). “Deciphering the BAR code of membrane modulators.” *Cell Mol Life Sci* 74 (13): 2413–2438.
- Nwamba, O.C. (2020). “Membranes as the third genetic code.” *Mol Biol Rep* 47 (5): 4093–4097.
- Skilling, Q.M., B. Eniwaye, B.C. Clawson, J. Shaver, N. Ognjanovski, S.J. Aton and M. Zochowski (2021). “Acetylcholine-gated current translates wake neuronal firing rate information into a spike timing-based code in Non-REM sleep, stabilizing neural network dynamics during memory consolidation.” *PLoS Comput Biol* 17 (9): e1009424.
- Batrouni, A.G., N. Bag, H.T. Phan, B.A. Baird and J.M. Baskin (2022). “A palmitoylation code controls PI4 KIII α complex formation and PI (4,5) P2 homeostasis at the plasma membrane.” *J Cell Sci* 135(5).
- Memory code / код памяти
- Eichenbaum, H. (2001). “The hippocampus and declarative memory: cognitive mechanisms and neural codes.” *Behavioural Brain Research* 127 (1): 199–207.
- Jensen, O. (2001). “Information transfer between rhythmically coupled networks: reading the hippocampal phase code.” *Neural Comput* 13 (12): 2743–2761.
- Wood, M.A., J.D. Hawk and T. Abel (2006). “Combinatorial chromatin modifications and memory storage: a code for memory?” *Learn Mem* 13 (3): 241–244.
- Tsien, J.Z. (2007). “The memory code. Researchers are closing in on the rules that the brain uses to lay down memories. Discovery of this memory code could lead to the design of smarter computers and robots and even to new ways to peer into the human mind.” *Sci Am* 297 (1): 52–59.
- Snider, K.H., K.A. Sullivan and K. Obrietan (2018). “Circadian Regulation of Hippocampal-Dependent Memory: Circuits, Synapses, and Molecular Mechanisms.” *Neural Plast* 2018: 7292540.
- Rawashdeh, O., R. Parsons and E. Maronde (2018). “Clocking In Time to Gate Memory Processes: The Circadian Clock Is Part of the Ins and Outs of Memory.” *Neural Plasticity* 2018: 6238989.

- Cattaneo, A. and M. Mainardi (2022). “Editorial: From Whole-Cell to Single Synapse Engrams – Breaking the Code for Memory Formation, Storage and Recall.” *Front Mol Neurosci* 15: 845516.
 - MeshCODE
 - Goult, B.T. (2021). “The Mechanical Basis of Memory – the MeshCODE Theory.” *Frontiers in Molecular Neuroscience* 14.
 - Barnett, S.F. H. and B.T. Goult (2022). “The MeshCODE to scale – Visualising synaptic binary information.” *bioRxiv*: 2022.2006.2016.496395.
 - Meta code / мета-код
 - Paredes, O., J.A. Morales, A.P. Mendizabal and R. Romo-Vázquez (2021). “Metacode: One code to rule them all.” *Biosystems* 208: 104486.
 - Metabolic code / метаболический код
 - Tomkins, G.M. (1975). “The Metabolic Code.” *Science* 189 (4205): 760–763.
 - Ruan, H.-B., J.P. Singh, M.-D. Li, J. Wu and X. Yang (2013). “Cracking the O-GlcNAc code in metabolism.” *Trends in Endocrinology & Metabolism* 24 (6): 301–309.
 - Zhao, X.Y. and J.D. Lin (2015). “Long Noncoding RNAs: A New Regulatory Code in Metabolic Control.” *Trends Biochem Sci* 40 (10): 586–596.
 - Korošak, D. and M. Slak Rupnik (2018). “Collective Sensing of β -Cells Generates the Metabolic Code.” *Front Physiol* 9: 31.
 - Neu, C., B. Ibrahim and P. Dittrich (2018). “Molecular Codes in Large Metabolic Network.” *MATCH Commun. Math. Comput. Chem.* 80: 587–604.
 - Korošak, D. and M. Slak Rupnik (2018). “Collective Sensing of β -Cells Generates the Metabolic Code.” *Front Physiol* 9: 31.
 - Bukowski, M., M. Kosecka-Strojek, A. Madry, R. Zagorski-Przybylo, T. Zadło, K. Gawron and B. Władyka (2022). “Staphylococcal saoABC Operon Codes for a DNA-Binding Protein SaoC Implicated in the Response to Nutrient Deficit.” *International Journal of Molecular Sciences* 23 (12): 6443.
 - Campit, S.E., A. Meliki, N.A. Youngson and S. Chandrasekaran (2020). “Nutrient Sensing by Histone Marks: Reading the Metabolic Histone Code Using Tracing, Omics, and Modeling.” *Bioessays* 42 (9): e2000083.
 - Methylation code / код метилирования
 - Papin, C., A. Ibrahim, S.L. Gras, A. Velt, I. Stoll, B. Jost, H. Menoni, C. Bronner, S. Dimitrov and A. Hamiche (2017). “Combinatorial DNA methylation codes at repetitive elements.” *Genome Res* 27 (6): 934–946.
 - Microbiome code / код микробиома
 - Rosen, C.E. and N.W. Palm (2017). “Functional Classification of the Gut Microbiota: The Key to Cracking the Microbiota Composition Code: Functional classifications of the gut microbiota reveal previously hidden contributions of indigenous gut bacteria to human health and disease.” *Bioessays* 39 (12).

- miRNA codes / коды микроРНК
 - Forman, J.J. and H.A. Collier (2010). “The code within the code: microRNAs target coding regions.” *Cell Cycle* 9 (8): 1533–1541.
 - Shin, C., J.W. Nam, K.K. Farh, H.R. Chiang, A. Shkumatava and D.P. Bartel (2010). “Expanding the microRNA targeting code: functional sites with centered pairing.” *Mol Cell* 38 (6): 789–802.
 - Pepe, S. (2012). “MicroRNAs in heart, lung and circulation (and beyond): life’s ubiquitous code for regulating complex function.” *Heart Lung Circ* 21 (3): 127–128.
 - Cora, D. and M. Caselle (2018). “The Epithelial-Mesenchymal Transition, as Hacked by a microRNA Combinatorial Code.” *Cell Syst* 7 (1): 3–4.
- Mirror code / зеркальный код
 - Fantini, J., C. Di Scala, L.S. Evans, P.T. F. Williamson and F.J. Barrantes (2016). “A mirror code for protein-cholesterol interactions in the two leaflets of biological membranes.” *Scientific Reports* 6 (1): 21907.
 - Sutter, M.L., L. Console, A.F. Fahner, S.L. Samodelov, Z. Gai, G. Ciarimboli, C. Indiveri, G.A. Kullak-Ublick and M. Visentin (2021). “The role of cholesterol recognition (CARC/CRAC) mirror codes in the allostereism of the human organic cation transporter 2 (OCT2, SLC22 A2).” *Biochem Pharmacol* 194: 114840.
- Mitochondrial genetic code / митохондриальный генетический код
 - Swire, J., O.P. Judson and A. Burt (2005). “Mitochondrial genetic codes evolve to match amino acid requirements of proteins.” *J Mol Evol* 60 (1): 128–139.
 - Sengupta, S., X. Yang and P.G. Higgs (2007). “The Mechanisms of Codon Reassignments in Mitochondrial Genetic Codes.” *Journal of Molecular Evolution* 64 (6): 662–688.
- Mitosis codes / код митоза
 - Bloom, K.S. (2008). “Beyond the code: the mechanical properties of DNA as they relate to mitosis.” *Chromosoma* 117 (2): 103–110.
 - Georgatos, S.D., Y. Markaki, A. Christogianni and A.S. Politou (2009). “Chromatin remodeling during mitosis: a structure-based code?” *Front Biosci (Landmark Ed)* 14 (6): 2017–2027.
 - Barisic, M. and H. Maiato (2015). “Cracking the (tubulin) code of mitosis.” *Oncotarget* 6 (23): 19356–19357.
 - Ferreira, L.T., A.C. Figueiredo, B. Orr, D. Lopes and H. Maiato (2018). Chapter 3 – Dissecting the role of the tubulin code in mitosis. *Methods in Cell Biology*. H. Maiato and M. Schuh, Academic Press. 144: 33–74.
 - Lopes, D. and H. Maiato (2020). “The Tubulin Code in Mitosis and Cancer.” *Cells* 9 (11): 2356.
- Mnemonic code / мнемонический код
 - Patai, E.Z. and H.J. Spiers (2016). “Cracking the mnemonic code.” *Nat Neurosci* 20 (1): 8–9.

- Modification code /
 - Brookes, E. and A. Pombo (2012). “Code breaking: The RNAPII modification code in pluripotency.” *Cell Cycle* 11 (7): 1267–1268.
- Modularity codes / коды модификации
 - Prinz, R. (2022). “The modularity codes.” *Biosystems* 219: 104735.
- Molecular codes / молекулярные коды
 - Hessa, T., N.M. Meindl-Beinker, A. Bernsel, H. Kim, Y. Sato, M. Lerch-Bader, I. Nilsson, S.H. White and G. von Heijne (2007). “Molecular code for transmembrane-helix recognition by the Sec61 translocon.” *Nature* 450 (7172): 1026–1030.
 - Raykhel, I., H. Alanen, K. Salo, J. Jurvansuu, V.D. Nguyen, M. Latva-Ranta and L. Ruddock (2007). “A molecular specificity code for the three mammalian KDEL receptors.” *J Cell Biol* 179 (6): 1193–1204.
 - Park, Y. and V. Helms (2008). “MINS2: revisiting the molecular code for transmembrane-helix recognition by the Sec61 translocon.” *Bioinformatics* 24 (16): 1819–1820.
 - Fingleton, B. and C.C. Lynch (2010). “A new dress code for MMPs: cleavage optional.” *Dev Cell* 18 (1): 3–4.
 - De Beule, J., E. Hovig and M. Benson (2011). “Introducing Dynamics into the Field of Biosemiotics.” *Biosemiotics* 4 (1): 5–24.
 - Görlich, D., S. Artmann and P. Dittrich (2011). “Cells as semantic systems.” *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) – General Subjects* 1810 (10): 914–923.
 - Görlich, D. and P. Dittrich (2013). “Molecular codes in biological and chemical reaction networks.” *PloS One* 8 (1): e54694.
 - DiChiara, A.S., R.C. Li, P.H. Suen, A.S. Hosseini, R.J. Taylor, A.F. Weickhardt, D. Malhotra, D.R. McCaslin and M.D. Shoulders (2018). “A cysteine-based molecular code informs collagen C-propeptide assembly.” *Nat Commun* 9 (1): 4206.
 - Morphogenetic code / морфогенетический код
 - Ruiz i Altaba, A., V. Nguyễn and V. Palma (2003). “The emergent design of the neural tube: prepattern, SHH morphogen and GLI code.” *Current Opinion in Genetics & Development* 13 (5): 513–521.
 - Matsuda, K., H. Gotoh, Y. Tajika, T. Sushida, H. Aonuma, T. Niimi, M. Akiyama, Y. Inoue and S. Kondo (2017). “Complex furrows in a 2 D epithelial sheet code the 3D structure of a beetle horn.” *Sci Rep* 7 (1): 13939.
 - Tassinari, R., C. Cavallini, E. Olivi, V. Taglioli, C. Zannini and C. Ventura (2021). “Unveiling the morphogenetic code: A new path at the intersection of physical energies and chemical signaling.” *World J Stem Cells* 13 (10): 1382–1393.
 - Tassinari, R., C. Cavallini, E. Olivi, F. Facchin, V. Taglioli, C. Zannini, M. Marcuzzi and C. Ventura (2022). “Cell Responsiveness to Physical Energies: Paving the Way to Decipher a Morphogenetic Code.” *Int J Mol Sci* 23 (6).

- Motor neuron code / код двигательного нейрона
 - Lumsden, A. (1995). "Neural development. A 'LIM code' for motor neurons?" *Curr Biol* 5 (5): 491–495.
 - Thor, S., S.G. Andersson, A. Tomlinson and J.B. Thomas (1999). "A LIM-homeodomain combinatorial code for motor-neuron pathway selection." *Nature* 397 (6714): 76–80.
 - Glaze, C.M. and T.W. Troyer (2007). "Behavioral measurements of a temporally precise motor code for birdsong." *J Neurosci* 27 (29): 7631–7639.
 - Stein, W., O. Straub, J. Ausborn, W. Mader and H. Wolf (2008). "Motor pattern selection by combinatorial code of interneuronal pathways." *J Comput Neurosci* 25 (3): 543–561.
 - Igarashi, J., Y. Isomura, K. Arai, R. Harukuni and T. Fukai (2013). "A θ - γ oscillation code for neuronal coordination during motor behavior." *J Neurosci* 33 (47): 18515–18530.
- Musical code / музыкальный код
 - Reybrouck, M. (2008). *The Musical Code between Nature and Nurture: Ecosemiotic and Neurobiological Claims. The Codes of Life: The Rules of Macroevolution.* M. Barbieri and J. Hoffmeyer. Dordrecht, Springer Netherlands: 395–434.
- Mutualism code / код мутуализма
 - Letourneau, D.K. (1990). "Code of ant-plant mutualism broken by parasite." *Science* 248 (4952): 215–217.
- Myelin code / миелиновый код
 - Farhadi, H.F., P. Lepage, R. Forghani, H.C. H. Friedman, W. Orfali, L. Jasmin, W. Miller, T.J. Hudson and A.C. Peterson (2003). "A Combinatorial Network of Evolutionarily Conserved Myelin Basic Protein Regulatory Sequences Confers Distinct Glial-Specific Phenotypes." *The Journal of Neuroscience* 23 (32): 10214–10223.
 - Wood, H. (2004). "A time code for myelin." *Nature Reviews Neuroscience* 5 (1): 9–9.
- Navigation codes / навигационный код
 - Camhi, J.M. and A. Levy (1989). "The code for stimulus direction in a cell assembly in the cockroach." *J Comp Physiol A* 165 (1): 83–97.
 - Frens, M.A., Y. Suzuki, H. Scherberger, K. Hepp and V. Henn (1998). "The collicular code of saccade direction depends on the roll orientation of the head relative to gravity." *Exp Brain Res* 120 (3): 283–290.
 - Erdi, P., Z. Huhn and T. Kiss (2005). "Hippocampal theta rhythms from a computational perspective: code generation, mood regulation and navigation." *Neural Netw* 18 (9): 1202–1211.
 - Bremner, A.J., D. Mareschal, S. Lloyd-Fox and C. Spence (2008). "Spatial localization of touch in the first year of life: early influence of a visual spatial code and the development of remapping across changes in limb position." *J Exp Psychol Gen* 137 (1): 149–162.

- Nadler, J.W., M. Nawrot, D.E. Angelaki and G.C. DeAngelis (2009). “MT neurons combine visual motion with a smooth eye movement signal to code depth-sign from motion parallax.” *Neuron* 63 (4): 523–532.
- Takahashi, M., J. Lauwereyns, Y. Sakurai and M. Tsukada (2009). “A code for spatial alternation during fixation in rat hippocampal CA1 neurons.” *J Neurophysiol* 102 (1): 556–567.
- Khosravi-Hashemi, N. and M.J. Chacron (2012). “Bursts and isolated spikes code for opposite movement directions in midbrain electrosensory neurons.” *PloS One* 7 (6): e40339.
- Takahashi, M., H. Nishida, A.D. Redish and J. Lauwereyns (2014). “Theta phase shift in spike timing and modulation of gamma oscillation: a dynamic code for spatial alternation during fixation in rat hippocampal area CA1.” *J Neurophysiol* 111 (8): 1601–1614.
- Dewar, A.D. M., A. Wystrach, P. Graham and A. Philippides (2015). “Navigation-specific neural coding in the visual system of *Drosophila*.” *Biosystems* 136: 120–127.
- Shine, J.P., J.P. Valdés-Herrera, M. Hegarty and T. Wolbers (2016). “The Human Retrosplenial Cortex and Thalamus Code Head Direction in a Global Reference Frame.” *J Neurosci* 36 (24): 6371–6381.
- Hardcastle, K., N. Maheswaranathan, S. Ganguli and L.M. Giocomo (2017). “A Multiplexed, Heterogeneous, and Adaptive Code for Navigation in Medial Entorhinal Cortex.” *Neuron* 94 (2): 375–387. e377.
- Johari, K. and R. Behroozmand (2017). “Premotor neural correlates of predictive motor timing for speech production and hand movement: evidence for a temporal predictive code in the motor system.” *Exp Brain Res* 235 (5): 1439–1453.
- Takahashi, S. (2018). “The Hippocampal Ensemble Code for Spatial Navigation and Episodic Memory.” *Adv Neurobiol* 21: 49–70.
 - Neural codes – A (general) / нейронные коды – А (общий)
- Rose, G.J., M. Kawasaki and W. Heiligenberg (1988). “Recognition units' at the top of a neuronal hierarchy? Prepacemaker neurons in *Eigenmannia* code the sign of frequency differences unambiguously.” *J Comp Physiol A* 162 (6): 759–772.
- Bialek, W., F. Rieke, R.R. de Ruyter van Steveninck and D. Warland (1991). “Reading a neural code.” *Science* 252 (5014): 1854–1857.
- Ferster, D. and N. Spruston (1995). “Cracking the neuronal code.” *Science* 270 (5237): 756–757.
- Gawne, T.J., T.W. Kjaer and B.J. Richmond (1996). “Latency: another potential code for feature binding in striate cortex.” *J Neurophysiol* 76 (2): 1356–1360.
- Richmond, B.J., T.J. Gawne and G.-X. Jin (1997). “Neuronal codes: reading them and learning how their structure influences network organization.” *Biosystems* 40 (1): 149–157.

- Tsodyks, M.V. and H. Markram (1997). “The neural code between neocortical pyramidal neurons depends on neurotransmitter release probability.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 94 (2): 719–723.
- Lábos, E. (2000). “Codes, operations, measurements and neural networks.” *Biosystems* 58 (1): 9–18.
- Lemon, W.C. and W.M. Getz (2000). “Rate code input produces temporal code output from cockroach antennal lobes.” *Biosystems* 58 (1): 151–158.
- Lewis, E.R., K.R. Henry and W.M. Yamada (2000). “Essential roles of noise in neural coding and in studies of neural coding.” *Biosystems* 58 (1): 109–115.
- Segundo, J.P. (2000). “Some thoughts about neural coding and spike trains” Supported by Trent H. Wells jr. Inc. 1.” *Biosystems* 58 (1): 3–7.
- Liu, R.C., S. Tzonev, S. Rebrik and K.D. Miller (2001). “Variability and information in a neural code of the cat lateral geniculate nucleus.” *J Neurophysiol* 86 (6): 2789–2806.
- Steinmetz, P.N., A. Manwani and C. Koch (2001). “Variability and coding efficiency of noisy neural spike encoders.” *Biosystems* 62 (1): 87–97.
- Harris, C.M. (2002). “Temporal uncertainty in reading the neural code (proportional noise).” *Biosystems* 67 (1–3): 85–94.
- Nicolelis M. and Ribeiro S. (2006). *Seeking the Neural Code*. *Scientific American*, 295, 70–77.
- Ventriglia, F. (2006). “Global rhythmic activities in hippocampal neural fields and neural coding.” *Biosystems* 86 (1): 38–45.
- Villa, A.E.P. (2008). *Neural Coding in the Neuroheuristic Perspective. The Codes of Life: The Rules of Macroevolution*. M. Barbieri and J. Hoffmeyer. Dordrecht, Springer Netherlands: 357–377.
- Jacobs, A.L., G. Fridman, R.M. Douglas, N.M. Alam, P.E. Latham, G.T. Prusky and S. Nirenberg (2009). “Ruling out and ruling in neural codes.” *Proceedings of the National Academy of Sciences* 106 (14): 5936–5941.
- MacGregor, D.J., T.F. Clayton and G. Leng (2013). “Information coding in vasopressin neurons—The role of asynchronous bistable burst firing.” *Biosystems* 112 (2): 85–93.
- Stanley, G.B. (2013). “Reading and writing the neural code.” *Nat Neurosci* 16 (3): 259–263.
- Turkheimer, F.E., R. Leech, P. Expert, L.D. Lord and A.C. Vernon (2015). “The brain's code and its canonical computational motifs. From sensory cortex to the default mode network: A multi-scale model of brain function in health and disease.” *Neurosci Biobehav Rev* 55: 211–222.
- Yamada, K., Y. Miyawaki and Y. Kamitani (2015). “Inter-subject neural code converter for visual image representation.” *Neuroimage* 113: 289–297.
- Joris, P.X. (2016). “Entracking as a Brain Stem Code for Pitch: The Butte Hypothesis.” *Adv Exp Med Biol* 894: 347–354.
- Tamura, S., Y. Nishitani, C. Hosokawa, T. Miyoshi, H. Sawai, T. Kamimura, Y. Yagi, Y. Mizuno-Matsumoto and Y.W. Chen (2016). “Spike

Code Flow in Cultured Neuronal Networks.” *Comput Intell Neurosci* 2016: 7267691.

○ Vyssotski, A.L., A.E. Stepien, G.B. Keller and R.H. Hahnloser (2016). “A Neural Code That Is Isometric to Vocal Output and Correlates with Its Sensory Consequences.” *PLoS Biol* 14 (10): e2000317.

○ Sievers, B., C. Lee, W. Haslett and T. Wheatley (2019). “A multi-sensory code for emotional arousal.” *Proc Biol Sci* 286 (1906): 20190513.

○ Rousseau, P.F., S. Boukezzi, R. Garcia, T. Chaminade and S. Khalfa (2020). “Cracking the EMDR code: Recruitment of sensory, memory and emotional networks during bilateral alternating auditory stimulation.” *Aust N Z J Psychiatry* 54 (8): 818–831.

○ Climer, J.R. and D.A. Dombeck (2021). “Information Theoretic Approaches to Deciphering the Neural Code with Functional Fluorescence Imaging.” *eNeuro* 8 (5).

○ Lyall, E.H., D.P. Mossing, S.R. Pluta, Y.W. Chu, A. Dudai and H. Adesnik (2021). “Synthesis of a comprehensive population code for contextual features in the awake sensory cortex.” *Elife* 10.

○ Rossi, E., P.E. Dussias, M. Diaz, J.G. van Hell and S. Newman (2021). “Neural signatures of inhibitory control in intra-sentential code-switching: Evidence from fMRI.” *J Neurolinguistics* 57.

• Neural Code – В (motion) / нейронный код – В (движение)

○ Frost, B.J. and K. Nakayama (1983). “Single visual neurons code opposing motion independent of direction.” *Science* 220 (4598): 744–745.

○ Geisler, W.S. (1999). “Motion streaks provide a spatial code for motion direction.” *Nature* 400 (6739): 65–69.

○ Lia, B., K.R. Dobkins, J. Palmer and D.Y. Teller (1999). “Infants code the direction of chromatic quadrature motion.” *Vision Res* 39 (10): 1783–1794.

○ Inaba, N., S. Shinomoto, S. Yamane, A. Takemura and K. Kawano (2007). “MST neurons code for visual motion in space independent of pursuit eye movements.” *J Neurophysiol* 97 (5): 3473–3483.

○ Clarke, S.E., A. Longtin and L. Maler (2014). “A neural code for looming and receding motion is distributed over a population of electrosensory ON and OFF contrast cells.” *J Neurosci* 34 (16): 5583–5594.

○ McIntyre, S., I. Birznieks, R.M. Vickery, A.O. Holcombe and T. Seizova-Cajic (2016). “The tactile motion aftereffect suggests an intensive code for speed in neurons sensitive to both speed and direction of motion.” *J Neurophysiol* 115 (3): 1703–1712.

○ Van Humber, N., T. Putzeys and J. Wagemans (2016). “Apparent Motion Suppresses Responses in Early Visual Cortex: A Population Code Model.” *PLoS Comput Biol* 12 (10): e1005155.

○ Turner, M.H., A. Krieger, M.M. Pang and T.R. Clandinin (2022). “Visual and motor signatures of locomotion dynamically shape a population code for feature detection in *Drosophila*.” *Elife* 11.

- Zhang, Y., R. Huang, W. Nörenberg and A.B. Arrenberg (2022). “A robust receptive field code for optic flow detection and decomposition during self-motion.” *Curr Biol* 32 (11): 2505–2516. e2508.
- Neural Code – C (perception & recognition) / нейронный код – C (восприятие и распознавание)
 - Erickson, R.P. (1973). “Adaptation and the neural code for visual form.” *Brain Res* 52: 374–377.
 - Szeto, A.Y. (1982). “Electrocutaneous code pairs for artificial sensory communication systems.” *Ann Biomed Eng* 10 (4): 175–192.
 - Hurlbert, A. (1991). “Visual perception. Deciphering the colour code.” *Nature* 349 (6306): 191–193.
 - Johnson, B.R., R. Voigt, C.L. Merrill and J. Atema (1991). “Across-fiber patterns may contain a sensory code for stimulus intensity.” *Brain Res Bull* 26 (3): 327–331.
 - Hart, A.C., S. Sims and J.M. Kaplan (1995). “Synaptic code for sensory modalities revealed by *C. elegans* GLR-1 glutamate receptor.” *Nature* 378 (6552): 82–85.
 - Sejnowski, T.J. (1995). “Pattern recognition. Time for a new neural code?” *Nature* 376 (6535): 21–22.
 - Baddeley, R. (1996). “Visual perception. An efficient code in V1?” *Nature* 381 (6583): 560–561.
 - Buonomano, D.V. and M. Merzenich (1999). “A neural network model of temporal code generation and position-invariant pattern recognition.” *Neural Comput* 11 (1): 103–116.
 - March, L., A. Cienfuegos, L. Goldbloom, W. Ritter, N. Cowan and D.C. Javitt (1999). “Normal time course of auditory recognition in schizophrenia, despite impaired precision of the auditory sensory (“echoic”) memory code.” *J Abnorm Psychol* 108 (1): 69–75.
 - Prins, N. and A.J. Mussap (2001). “Adaptation reveals a neural code for the visual location of orientation change.” *Perception* 30 (6): 669–680.
 - Nisly-Nagele, S.J. and G.S. Wasserman (2001). “Dissociating sensory and cognitive contributions to visual persistence I. Photoreceptor response duration as a function of flash intensity, adaptation state, and candidate code.” *Biol Cybern* 85 (3): 167–183.
 - Wasserman, G.S. and S.J. Nisly-Nagele (2001). “Dissociating sensory and cognitive contributions to visual persistence II. Photoreceptor integration of flash pairs as a function of interflash interval, intensity, integration site, and candidate code.” *Biol Cybern* 85 (3): 185–194.
 - Petersen, R.S., S. Panzeri and M.E. Diamond (2002). “The role of individual spikes and spike patterns in population coding of stimulus location in rat somatosensory cortex.” *Biosystems* 67 (1): 187–193.
 - Hölftje, M. and R. Hustert (2003). “Rapid mechano-sensory pathways code leg impact and elicit very rapid reflexes in insects.” *J Exp Biol* 206 (Pt 16): 2715–2724.

- Koch, I., B. Metin and S. Schuch (2003). “The role of temporal unpredictability for process interference and code overlap in perception-action dual tasks.” *Psychol Res* 67 (4): 244–252.
- Turiel, A. and N. Parga (2003). “Role of statistical symmetries in sensory coding: an optimal scale invariant code for vision.” *J Physiol Paris* 97 (4–6): 491–502.
- Wyss, R., P. Konig and P.F. Verschure (2003). “Invariant representations of visual patterns in a temporal population code.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 100 (1): 324–329.
- Hosokawa, T., K. Kato, M. Inoue and A. Mikami (2004). “Neurons in the orbitofrontal cortex code both visual shapes and reward types.” *Neuroreport* 15 (9): 1493–1496.
- Krug, K. (2004). “A common neuronal code for perceptual processes in visual cortex? Comparing choice and attentional correlates in V5/MT.” *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci* 359 (1446): 929–941.
- Melzer, P., G.C. Champney, M.J. Maguire and F.F. Ebner (2006). “Rate code and temporal code for frequency of whisker stimulation in rat primary and secondary somatic sensory cortex.” *Exp Brain Res* 172 (3): 370–386.
- Tailby, C., S.G. Solomon, N.T. Dhruv, N.J. Majaj, S.H. Sokol and P. Lennie (2007). “A new code for contrast in the primate visual pathway.” *J Neurosci* 27 (14): 3904–3909.
- Zwickel, T., T. Wachtler and R. Eckhorn (2007). “Coding the presence of visual objects in a recurrent neural network of visual cortex.” *Biosystems* 89 (1): 216–226.
- Eyherabide, H.G., A. Rokem, A.V. Herz and I. Samengo (2008). “Burst firing is a neural code in an insect auditory system.” *Front Comput Neurosci* 2: 3.
- Gollisch, T. (2009). “Throwing a glance at the neural code: rapid information transmission in the visual system.” *Hfsp j* 3 (1): 36–46.
- van den Berg, R., J.B. Roerdink and F.W. Cornelissen (2010). “A neurophysiologically plausible population code model for feature integration explains visual crowding.” *PLoS Comput Biol* 6 (1): e1000646
- Clemens, J., O. Kutzki, B. Ronacher, S. Schreiber and S. Wohlgemuth (2011). “Efficient transformation of an auditory population code in a small sensory system.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 108 (33): 13812–13817.
- Dimitrov, A.G., G.I. Cummins, A. Baker and Z.N. Aldworth (2011). “Characterizing the fine structure of a neural sensory code through information distortion.” *J Comput Neurosci* 30 (1): 163–179.
- de Lafuente, V. and R. Romo (2011). “Dopamine neurons code subjective sensory experience and uncertainty of perceptual decisions.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 108 (49): 19767–19771.
- Hallem, E.A., A.R. Dillman, A.V. Hong, Y. Zhang, J.M. Yano, S.F. DeMarco and P.W. Sternberg (2011). “A sensory code for host seeking in parasitic nematodes.” *Curr Biol* 21 (5): 377–383.

- Lim, S.L., J.P. O'Doherty and A. Rangel (2011). “The decision value computations in the vmPFC and striatum use a relative value code that is guided by visual attention.” *J Neurosci* 31 (37): 13214–13223.
- Nestor, A., D.C. Plaut and M. Behrmann (2011). “Unraveling the distributed neural code of facial identity through spatiotemporal pattern analysis.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 108 (24): 9998–10003.
- Lyons-Warren, A.M., M. Hollmann and B.A. Carlson (2012). “Sensory receptor diversity establishes a peripheral population code for stimulus duration at low intensities.” *J Exp Biol* 215 (Pt 15): 2586–2600.
- Vergara, J., N. Rivera, R. Rossi-Pool and R. Romo (2016). “A Neural Parametric Code for Storing Information of More than One Sensory Modality in Working Memory.” *Neuron* 89 (1): 54–62.
- Vass, L.K., M.S. Copara, M. Seyal, K. Shahlaie, S.T. Farias, P.Y. Shen and A.D. Ekstrom (2016). “Oscillations Go the Distance: Low-Frequency Human Hippocampal Oscillations Code Spatial Distance in the Absence of Sensory Cues during Teleportation.” *Neuron* 89 (6): 1180–1186.
- Gau, P., A. Curtright, L. Condon, D.W. Raible and A. Dhaka (2017). “An ancient neurotrophin receptor code; a single Runx/Cbfb complex determines somatosensory neuron fate specification in zebrafish.” *PLoS Genet* 13 (7): e1006884.
- Panzeri, S., C.D. Harvey, E. Piasini, P.E. Latham and T. Fellin (2017). “Cracking the Neural Code for Sensory Perception by Combining Statistics, Intervention, and Behavior.” *Neuron* 93 (3): 491–507.
- Sabbah, S., J.A. Gemmer, A. Bhatia-Lin, G. Manoff, G. Castro, J.K. Siegel, N. Jeffery and D.M. Berson (2017). “A retinal code for motion along the gravitational and body axes.” *Nature* 546 (7659): 492–497.
- Esfahany, K., I. Siergiej, Y. Zhao and I.M. Park (2018). “Organization of Neural Population Code in Mouse Visual System.” *eNeuro* 5 (4).
- Follmann, R., C.J. Goldsmith and W. Stein (2018). “Multimodal sensory information is represented by a combinatorial code in a sensorimotor system.” *PLoS Biol* 16 (10): e2004527
- Arguin, M., I. Marleau, M. Aubin, S. Zahabi and E.C. Leek (2019). “A surface-based code contributes to visual shape perception.” *J Vis* 19 (11): 6.
- James, B., L. Darnet, J. Moya-Díaz, S.H. Seibel and L. Lagnado (2019). “An amplitude code transmits information at a visual synapse.” *Nat Neurosci* 22 (7): 1140–1147.
- Kindel, W.F., E.D. Christensen and J. Zylberberg (2019). “Using deep learning to probe the neural code for images in primary visual cortex.” *J Vis* 19 (4): 29.
- Downer, J.D., J.R. Verhein, B.C. Rapone, K.N. O'Connor and M.L. Sutter (2021). “An Emergent Population Code in Primary Auditory Cortex Supports Selective Attention to Spectral and Temporal Sound Features.” *J Neurosci* 41 (36): 7561–7577.

- Snyder, A.C., B.M. Yu and M.A. Smith (2021). “A Stable Population Code for Attention in Prefrontal Cortex Leads a Dynamic Attention Code in Visual Cortex.” *J Neurosci* 41 (44): 9163–9176.
- Sharma, D., K.K. W. Ng, I. Birznieks and R.M. Vickery (2022). “The burst gap is a peripheral temporal code for pitch perception that is shared across audition and touch.” *Sci Rep* 12 (1): 11014.
- Zhao, X., C.L. Hsu and N. Spruston (2022). “Rapid synaptic plasticity contributes to a learned conjunctive code of position and choice-related information in the hippocampus.” *Neuron* 110 (1): 96–108. e104.
- Neural code – D (tactile) / нейронный код – D (тактильный)
- Goodwin, A.W. (1993). “Touch: the code for roughness.” *Curr Biol* 3 (6): 378–379.
- Johansson, R.S. and I. Birznieks (2004). “First spikes in ensembles of human tactile afferents code complex spatial fingertip events.” *Nat Neurosci* 7 (2): 170–177.
- Vázquez, Y., E. Salinas and R. Romo (2013). “Transformation of the neural code for tactile detection from thalamus to cortex.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 110 (28): E2635–2644.
- Rossi-Pool, R., E. Salinas, A. Zainos, M. Alvarez, J. Vergara, N. Parga and R. Romo (2016). “Emergence of an abstract categorical code enabling the discrimination of temporally structured tactile stimuli.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 113 (49): E7966–e7975.
- Lieber, J.D., X. Xia, A.I. Weber and S.J. Bensmaia (2017). “The neural code for tactile roughness in the somatosensory nerves.” *J Neurophysiol* 118 (6): 3107–3117.
- Delhaye, B.P., M.K. O'Donnell, J.D. Lieber, K.R. McLellan and S.J. Bensmaia (2019). “Feeling fooled: Texture contaminates the neural code for tactile speed.” *PLoS Biol* 17 (8): e3000431.
- Perks, K.M. and J.T. Pierce (2019). “A quantal code for touch intensity in *C. elegans*.” *J Gen Physiol* 151 (12): 1343–1346.
- Bollini, A., C. Campus, D. Esposito and M. Gori (2020). “The Magnitude Effect on Tactile Spatial Representation: The Spatial-Tactile Association for Response Code (STARC) Effect.” *Front Neurosci* 14: 557063.
- Ng, K.K. W., C. Olausson, R.M. Vickery and I. Birznieks (2020). “Temporal patterns in electrical nerve stimulation: Burst gap code shapes tactile frequency perception.” *PLoS One* 15 (8): e0237440.
- Ng, K.K. W., I.N. Snow, I. Birznieks and R.M. Vickery (2021). “Burst gap code predictions for tactile frequency are valid across the range of perceived frequencies attributed to two distinct tactile channels.” *J Neurophysiol* 125 (2): 687–692.
- Neural code – E (specific) / нейронный код – E (специфический)
- Sakagami, M., K. Tsutsui, J. Lauwereyns, M. Koizumi, S. Kobayashi and O. Hikosaka (2001). “A code for behavioral inhibition on the basis of color,

but not motion, in ventrolateral prefrontal cortex of macaque monkey.” *J Neurosci* 21 (13): 4801–4808.

○ Meyer-Luehmann, M., J.F. Thompson, K.C. Berridge and J.W. Aldridge (2002). “Substantia nigra pars reticulata neurons code initiation of a serial pattern: implications for natural action sequences and sequential disorders.” *Eur J Neurosci* 16 (8): 1599–1608.

○ Paz, R. and E. Vaadia (2004). “Specificity of sensorimotor learning and the neural code: neuronal representations in the primary motor cortex.” *J Physiol Paris* 98 (4–6): 331–348.

○ Siddiqui, T.J., R. Pancaroglu, Y. Kang, A. Rooyackers and A.M. Craig (2010). “LRRTMs and neuroligins bind neurexins with a differential code to cooperate in glutamate synapse development.” *J Neurosci* 30 (22): 7495–7506.

○ Hu, Z., X.J. Tong and J.M. Kaplan (2013). “UNC-13 L, UNC-13 S, and Tomosyn form a protein code for fast and slow neurotransmitter release in *Caenorhabditis elegans*.” *Elife* 2: e00967.

○ Schlaffke, L., A. Golisch, L.M. Haag, M. Lenz, S. Heba, S. Lissek, T. Schmidt-Wilcke, U.T. Eysel and M. Tegenthoff (2015). “The brain's dress code: How The Dress allows to decode the neuronal pathway of an optical illusion.” *Cortex* 73: 271–275.

○ Li, M. and J.Z. Tsien (2017). “Neural Code-Neural Self-information Theory on How Cell-Assembly Code Rises from Spike Time and Neuronal Variability.” *Front Cell Neurosci* 11: 236.

○ Noborn, F. and F.H. Sterky (2021). “Role of neurexin heparan sulfate in the molecular assembly of synapses – Expanding the neurexin code?” *FEBS J*.

• Neuronal wiring code / код нейронных связей

○ Kovalenko, A. and A. Yaron (2022). “Cracking the combinatorial code of neuronal wiring.” *Neuron* 110 (14): 2204–2206.

• Neuropeptide code / код нейропептидов

○ Das Gupta, R.R., L. Scheurer, P. Pelczar, H. Wildner and H.U. Zeilhofer (2021). “Neuron-specific spinal cord translomes reveal a neuropeptide code for mouse dorsal horn excitatory neurons.” *Sci Rep* 11 (1): 5232.

• NF-каппа-B code / код транскрипционного фактора NF-κB

○ Tkach, K.E., J.E. Oyler and G. Altan-Bonnet (2014). “Cracking the NF-κB code.” *Sci Signal* 7 (313): pe5.

• Niche codes / нишевый код

○ Forsberg, E.C. and S. Smith-Berdan (2009). “Parsing the niche code: the molecular mechanisms governing hematopoietic stem cell adhesion and differentiation.” *Haematologica* 94 (11): 1477–1481.

• Non-ribosomal code / нерибосомный код

○ von Döhren, H., R. Dieckmann and M. Pavela-Vrancic (1999). “The nonribosomal code.” *Chem Biol* 6 (10): R273–279.

○ Ackerley, D.F. (2016). “Cracking the Nonribosomal Code.” *Cell Chem Biol* 23 (5): 535–537.

- Notch Code / код Notch
 - Cave, J.W., F. Loh, J.W. Surpris, L. Xia and M.A. Caudy (2005). “A DNA transcription code for cell-specific gene activation by notch signaling.” *Curr Biol* 15 (2): 94–104.
 - Cave, J.W., L. Xia and M.A. Caudy (2009). “The Daughterless N-terminus directly mediates synergistic interactions with Notch transcription complexes via the SPS+A DNA transcription code.” *BMC Res Notes* 2: 65.
 - Kakuda, S. and R.S. Haltiwanger (2017). “Deciphering the Fringe-Mediated Notch Code: Identification of Activating and Inhibiting Sites Allowing Discrimination between Ligands.” *Dev Cell* 40 (2): 193–201.
- Nuclear signalling code / код ядерной сигнализации
 - Maraldi, N.M. (2008). *A Lipid-based Code in Nuclear Signalling. The Codes of Life: The Rules of Macroevolution.* M. Barbieri and J. Hoffmeyer. Dordrecht, Springer Netherlands: 207–221.
- Nucleoprotein code / код нуклеопротеидов
 - Moreira É, A., A. Weber, H. Bolte, L. Kolesnikova, S. Giese, S. Lakdawala, M. Beer, G. Zimmer, A. García-Sastre, M. Schwemmle and M. Juozapaitis (2016). “A conserved influenza A virus nucleoprotein code controls specific viral genome packaging.” *Nat Commun* 7: 12861.
- Nucleosome code / код нуклеосомы
 - Segal, E., Y. Fondufe-Mittendorf, L. Chen, A. Thåström, Y. Field, I.K. Moore, J.-P.Z. Wang and J. Widom (2006). “A genomic code for nucleosome positioning.” *Nature* 442 (7104): 772–778.
 - Segal, M.R. (2008). “Re-cracking the nucleosome positioning code.” *Stat Appl Genet Mol Biol* 7 (1): Article14.
 - Choi, J.K. and Y.J. Kim (2009). “Implications of the nucleosome code in regulatory variation, adaptation and evolution.” *Epigenetics* 4 (5): 291–295.
 - Cohanin, A.B. and T.E. Haran (2009). “The coexistence of the nucleosome positioning code with the genetic code on eukaryotic genomes.” *Nucleic acids research* 37 (19): 6466–6476.
 - Clark, D.J. (2010). “Nucleosome positioning, nucleosome spacing and the nucleosome code.” *J Biomol Struct Dyn* 27 (6): 781–793.
 - Jones, B. (2016). “Chromatin: Cracking the nucleosome code.” *Nat Rev Genet* 17 (7): 376–377.
 - Zuiddam, M., R. Everaers and H. Schiessel (2017). “Physics behind the mechanical nucleosome positioning code.” *Phys Rev E* 96 (5–1): 052412.
 - Colino-Sanguino, Y., S.J. Clark and F. Valdes-Mora (2022). “The H2 A.Z-nucleosome code in mammals: emerging functions.” *Trends Genet* 38 (5): 516.
- Olfactory code / обонятельный код
 - Amoore, J.E. (1967). “Specific anosmia: a clue to the olfactory code.” *Nature* 214 (5093): 1095–1098.
 - Amoore, J.E. (1974). “Evidence for the chemical olfactory code in man.” *Ann N Y Acad Sci* 237 (0): 137–143.

- Menevse, A., G.H. Dodd, T.M. Poynder and D. Squirrel (1977). "A chemical-modification approach to the olfactory code." *Biochem Soc Trans* 5 (1): 191–194.
- Menevse, A., G. Dodd and T.M. Poynder (1978). "A chemical-modification approach to the olfactory code. Studies with a thiol-specific reagent." *Biochem J* 176 (3): 845–854.
- Mair, R.G. (1986). "Ontogeny of the olfactory code." *Experientia* 42 (3): 213–223.
- Menevşe, S. and A. Menevşe (1989). "A chemical modification approach to the olfactory code: vapor phase labeling using photoaffinity odorants." *Jpn J Physiol* 39 (5): 779–784.
- Lánský, P. and J.-P. Rospars (1993). "Coding of odor intensity." *Biosystems* 31 (1): 15–38.
- Av-Ron, E. and J.-F. Vibert (1996). "A model for temporal and intensity coding in insect olfaction by a network of inhibitory neurons." *Biosystems* 39 (3): 241–250.
- Lai, S.C., N. Vasilieva and R.E. Johnston (1996). "Odors providing sexual information in Djungarian hamsters: evidence for an across-odor code." *Horm Behav* 30 (1): 26–36.
- Getz, W.M. and R.P. Akers (1997). "Coding properties of peak and average response rates in American cockroach olfactory sensory cells." *Biosystems* 40 (1): 55–63.
- Vermeulen, A., P. Lánský, H. Tuckwell and J.-P. Rospars (1997). "Coding of odour intensity in a sensory neuron." *Biosystems* 40 (1): 203–210.
- Dudai, Y. (1999). "The smell of representations." *Neuron* 23 (4): 633–635.
- Galizia, C.G., S. Sachse, A. Rappert and R. Menzel (1999). "The glomerular code for odor representation is species specific in the honeybee *Apis mellifera*." *Nat Neurosci* 2 (5): 473–478.
- Sachse, S., A. Rappert and C.G. Galizia (1999). "The spatial representation of chemical structures in the antennal lobe of honeybees: steps towards the olfactory code." *Eur J Neurosci* 11 (11): 3970–3982.
- Galizia, C.G. and R. Menzel (2000). "Probing the olfactory code." *Nat Neurosci* 3 (9): 853–854.
- Johnson, B.A. and M. Leon (2000). "Odorant molecular length: one aspect of the olfactory code." *J Comp Neurol* 426 (2): 330–338.
- Rogers, M.E. and S.J. Firestein (2001). "Unlocking the DOR code." *Neuron* 30 (2): 305–307.
- Vickers, N.J., T.A. Christensen, T.C. Baker and J.G. Hildebrand (2001). "Odour-plume dynamics influence the brain's olfactory code." *Nature* 410 (6827): 466–470.
- Stensmyr, M.C., T. Dekker and B.S. Hansson (2003). "Evolution of the olfactory code in the *Drosophila melanogaster* subgroup." *Proc Biol Sci* 270 (1531): 2333–2340.

- Yu, D., A. Ponomarev and R.L. Davis (2004). “Altered representation of the spatial code for odors after olfactory classical conditioning; memory trace formation by synaptic recruitment.” *Neuron* 42 (3): 437–449.
- Zufall, F. (2005). “Connexins and olfactory synchronicity: toward the olfactory code.” *Neuron* 46 (5): 693–694.
- Ray, A., W. van der Goes van Naters and J.R. Carlson (2008). “A regulatory code for neuron-specific odor receptor expression.” *PLoS Biol* 6 (5): e125.
- Furudono, Y., Y. Sone, K. Takizawa, J. Hirono and T. Sato (2009). “Relationship between peripheral receptor code and perceived odor quality.” *Chem Senses* 34 (2): 151–158.
- Haddad, R., T. Weiss, R. Khan, B. Nadler, N. Mandairon, M. Bensafi, E. Schneidman and N. Sobel (2010). “Global features of neural activity in the olfactory system form a parallel code that predicts olfactory behavior and perception.” *J Neurosci* 30 (27): 9017–9026.
- Nieberding, C.M., K. Fischer, M. Saastamoinen, C.E. Allen, E.A. Wallin, E. Hedenström and P.M. Brakefield (2012). “Cracking the olfactory code of a butterfly: the scent of ageing.” *Ecol Lett* 15 (5): 415–424.
- Boyle, S.M., S. McNally and A. Ray (2013). “Expanding the olfactory code by in silico decoding of odor-receptor chemical space.” *Elife* 2: e01120.
- Campbell, R.A., K.S. Honegger, H. Qin, W. Li, E. Demir and G.C. Turner (2013). “Imaging a population code for odor identity in the *Drosophila* mushroom body.” *J Neurosci* 33(25): 10568–10581.
- Gruntman, E. and G.C. Turner (2013). “Integration of the olfactory code across dendritic claws of single mushroom body neurons.” *Nat Neurosci* 16 (12): 1821–1829.
- Haddad, R., A. Lanjuin, L. Madisen, H. Zeng, V.N. Murthy and N. Uchida (2013). “Olfactory cortical neurons read out a relative time code in the olfactory bulb.” *Nat Neurosci* 16 (7): 949–957.
- Schubert, M., B.S. Hansson and S. Sachse (2014). “The banana code-natural blend processing in the olfactory circuitry of *Drosophila melanogaster*.” *Front Physiol* 5: 59.
- Renou, M., V. Party, A. Rouyar and S. Anton (2015). “Olfactory signal coding in an odor background.” *Biosystems* 136: 35–45.
- Grillet, M., D. Campagner, R. Petersen, C. McCrohan and M. Cobb (2016). “The peripheral olfactory code in *Drosophila* larvae contains temporal information and is robust over multiple timescales.” *Proc Biol Sci* 283 (1831).
- Wilson, C.D., G.O. Serrano, A.A. Koulakov and D. Rinberg (2017). “A primacy code for odor identity.” *Nat Commun* 8 (1): 1477.
- Grabe, V. and S. Sachse (2018). “Fundamental principles of the olfactory code.” *Biosystems* 164: 94–101.
- Milinski, M. (2022). “A Review of Suggested Mechanisms of MHC Odor Signaling.” *Biology (Basel)* 11 (8).

- Omega Code / омега код
 - Tomlinson, P.B., A. Ricciardi and B.A. Huggett (2018). “Cracking the omega code: hydraulic architecture of the cycad leaf axis.” *Ann Bot* 121 (3): 483–488.
- Organogenesis code / код органогенеза
 - Scully, K.M. and M.G. Rosenfeld (2002). “Pituitary development: regulatory codes in mammalian organogenesis.” *Science* 295 (5563): 2231–2235.
- Orthographic code / орфографический код
 - Davis, C.J. (2012). “Developing a universal model of reading necessitates cracking the orthographic code.” *Behav Brain Sci* 35 (5): 283–284.
 - Wallot, S. (2014). “From ‘cracking the orthographic code’ to ‘playing with language’: toward a usage-based foundation of the reading process.” *Front Psychol* 5: 891.
 - Borleffs, E., B.A. M. Maassen, H. Lyytinen and F. Zwarts (2018). “Cracking the Code: The Impact of Orthographic Transparency and Morphological-Syllabic Complexity on Reading and Developmental Dyslexia.” *Front Psychol* 9: 2534.
- Oscillation code / колебательный код
 - Schyns, P.G., G. Thut and J. Gross (2011). “Cracking the code of oscillatory activity.” *PLoS Biol* 9 (5): e1001064.
 - de la Prida, L.M. (2019). “The Theta Stone: 3 to 10 Hz Oscillations to Decipher the Human Brain Code.” *Epilepsy Curr* 19 (2): 126–128.
- Osteoarthritis code / код остеоартрита
 - Cen, X., X.Q. Huang, W.T. Sun, Q. Liu and J. Liu (2017). “Long noncoding RNAs: a new regulatory code in osteoarthritis.” *Am J Transl Res* 9 (11): 4747–4755.
- Osteoporosis code / код остеопороза
 - Wu, Q.Y., X. Li, Z.N. Miao, J.X. Ye, B. Wang, F. Zhang, R.S. Xu, D.L. Jiang, M.D. Zhao and F.L. Yuan (2018). “Long Non-coding RNAs: A New Regulatory Code for Osteoporosis.” *Front Endocrinol (Lausanne)* 9: 587.
- Pattern code / код паттернов
 - Depew, M.J., C.A. Simpson, M. Morasso and J.L. Rubenstein (2005). “Reassessing the Dlx code: the genetic regulation of branchial arch skeletal pattern and development.” *J Anat* 207 (5): 501–561.
 - Yakoby, N., C.A. Bristow, D. Gong, X. Schafer, J. Lembong, J.J. Zartman, M.S. Halfon, T. Schüpbach and S.Y. Shvartsman (2008). “A combinatorial code for pattern formation in *Drosophila* oogenesis.” *Dev Cell* 15 (5): 725–737.
- Phagocytic code / фагоцитарный код
 - Jubrail, J., N. Kurian and F. Niedergang (2017). “Macrophage phagocytosis cracking the defect code in COPD.” *Biomed J* 40 (6): 305–312.
 - Bronte, V. (2019). “Deciphering Macrophage and Monocyte Code to Stratify Human Breast Cancer Patients.” *Cancer Cell* 35 (4): 538–539.

- Cockram, T.O. J., J.M. Dundee, A.S. Popescu and G.C. Brown (2021). “The Phagocytic Code Regulating Phagocytosis of Mammalian Cells.” *Front Immunol* 12: 629979.
 - Phenotype code / код фенотипа
- Kostal, L., P. Lansky and J.-P. Rospars (2008). “Efficient Olfactory Coding in the Pheromone Receptor Neuron of a Moth.” *PLOS Computational Biology* 4 (4): e1000053.
- Carcaud, J., M. Giurfa and J.C. Sandoz (2015). “Differential combinatorial coding of pheromones in two olfactory subsystems of the honey bee brain.” *J Neurosci* 35 (10): 4157–4167.
- Wang, B., Y. Liu and G.R. Wang (2018). “Proceeding From in vivo Functions of Pheromone Receptors: Peripheral-Coding Perception of Pheromones From Three Closely Related Species, *Helicoverpa armigera*, *H. assulta*, and *Heliothis virescens*.” *Front Physiol* 9: 1188.
- Tirindelli, R. (2021). “Coding of pheromones by vomeronasal receptors.” *Cell and Tissue Research* 383 (1): 367–386.
 - Pheromone code / код феромонов
- Westerman, E.L., S.E. J. Bowman, B. Davidson, M.C. Davis, E.R. Larson and C.P. J. Sanford (2020). “Deploying Big Data to Crack the Genotype to Phenotype Code.” *Integr Comp Biol* 60 (2): 385–396.
 - Phonological code / фонологический код
- Foss, D.J. and M.A. Gernsbacher (1983). “Cracking the Dual Code: Toward a Unitary Model of Phoneme Identification.” *J Verbal Learning Verbal Behav* 22 (6): 609–632.
- Brysbaert, M. and C. Praet (1992). “Reading isolated words: no evidence for automatic incorporation of the phonetic code.” *Psychol Res* 54 (2): 91–102.
- Reynolds, M. and D. Besner (2006). “Reading aloud is not automatic: processing capacity is required to generate a phonological code from print.” *J Exp Psychol Hum Percept Perform* 32 (6): 1303–1323.
- Jacquemot, C., E. Dupoux and A.-C. Bachoud-Lévi (2007). “Breaking the mirror: Asymmetrical disconnection between the phonological input and output codes.” *Cognitive Neuropsychology* 24 (1): 3–22.
- Denis-Noël, A., C. Pattamadilok, É. Castet and P. Colé (2020). “Activation time-course of phonological code in silent word recognition in adult readers with and without dyslexia.” *Ann Dyslexia* 70 (3): 313–338.
 - Phosphatase code / код фосфатазы
- Roy, J. and M.S. Cyert (2009). “Cracking the phosphatase code: docking interactions determine substrate specificity.” *Sci Signal* 2 (100): re9.
- Heroes, E., B. Lesage, J. Görnemann, M. Beullens, L. Van Meervelt and M. Bollen (2013). “The PP1 binding code: a molecular-lego strategy that governs specificity.” *Febs j* 280 (2): 584–595.
- Choy, M.S., M. Hieke, G.S. Kumar, G.R. Lewis, K.R. Gonzalez-DeWhitt, R.P. Kessler, B.J. Stein, M. Hessenberger, A.C. Nairn, W. Peti and

- R. Page (2014). “Understanding the antagonism of retinoblastoma protein dephosphorylation by PNUITS provides insights into the PP1 regulatory code.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 111 (11): 4097–4102.
- Masaki, T. and M. Shimada (2022). “Decoding the Phosphatase Code: Regulation of Cell Proliferation by Calcineurin.” *Int J Mol Sci* 23 (3).
 - Phospholipid code / код фосфолипидов
 - Baxter, A.A., M.D. Hulett and I.K. Poon (2015). “The phospholipid code: a key component of dying cell recognition, tumor progression and host-microbe interactions.” *Cell Death Differ* 22 (12): 1893–1905.
 - Phosphorylation code / код фосфорилизации
 - Otto, J.C., P. Kelly, S.T. Chiou and J.D. York (2007). “Alterations in an inositol phosphate code through synergistic activation of a G protein and inositol phosphate kinases.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 104 (40): 15653–15658.
 - Ganguly, A. and H.T. Cho (2012). “The phosphorylation code is implicated in cell type-specific trafficking of PIN-FORMEDs.” *Plant Signal Behav* 7(10): 1215–1218.
 - Chen, Y. and J. Jiang (2013). “Decoding the phosphorylation code in Hedgehog signal transduction.” *Cell Res* 23 (2): 186–200.
 - Örd, M., K. Möll, A. Agerova, R. Kivi, I. Faustova, R. Venta, E. Valk and M. Loog (2019). “Multisite phosphorylation code of CDK.” *Nature Structural & Molecular Biology* 26 (7): 649–658.
 - Arif, A., J. Jia, B. Willard, X. Li and P.L. Fox (2019). “Multisite Phosphorylation of S6 K1 Directs a Kinase Phospho-code that Determines Substrate Selection.” *Mol Cell* 73 (3): 446–457. e446.
 - Murakami, Y. (2019). “Phosphorylation of repressive histone code readers by casein kinase 2 plays diverse roles in heterochromatin regulation.” *J Biochem* 166 (1): 3–6.
 - Wang, B., A.N. Kettenbach, X. Zhou, J.J. Loros and J.C. Dunlap (2019). “The Phospho-Code Determining Circadian Feedback Loop Closure and Output in *Neurospora*.” *Mol Cell* 74 (4): 771–784. e773.
 - Sluchanko, N.N. (2020). “Reading the phosphorylation code: binding of the 14–3–3 protein to multivalent client phosphoproteins.” *Biochem J* 477 (7): 1219–1225.
 - Kervin, T.A. and M. Overduin (2021). “Regulation of the Phosphoinositide Code by Phosphorylation of Membrane Readers.” *Cells* 10 (5).
 - Lee, H., A. Ganguly, S. Baik and H.T. Cho (2021). “Calcium-dependent protein kinase 29 modulates PIN-FORMED polarity and Arabidopsis development via its own phosphorylation code.” *Plant Cell* 33 (11): 3513–3531.
 - Zhou, M. and J. Jiang (2022). “Gli Phosphorylation Code in Hedgehog Signal Transduction.” *Front Cell Dev Biol* 10: 846927.
 - Phosphoserine code / код фосфосерина
 - Aragón, E., N. Goerner, A.I. Zaromytidou, Q. Xi, A. Escobedo, J. Massagué and M.J. Macias (2011). “A Smad action turnover switch operated by WW domain readers of a phosphoserine code.” *Genes Dev* 25 (12): 1275–1288.

- Plant communication codes / код коммуникации растений
 - Bonato, B., F. Peressotti, S. Guerra, Q. Wang and U. Castiello (2021). “Cracking the code: a comparative approach to plant communication.” *Commun Integr Biol* 14 (1): 176–185.
- Poly (A) code / код полиаденилирования
 - Weng, L., Y. Li, X. Xie and Y. Shi (2016). “Poly (A) code analyses reveal key determinants for tissue-specific mRNA alternative polyadenylation.” *Rna* 22 (6): 813–821.
- Polyketide code / код поликетидов
 - Hopwood, D.A. (2004). “Cracking the polyketide code.” *PLoS Biol* 2 (2): E35.
- Population codes / популяционный код
 - Tsai, J.J. and J.D. Victor (2003). “Reading a population code: a multi-scale neural model for representing binocular disparity.” *Vision Res* 43 (4): 445–466.
 - Bensmaia, S.J. (2008). “Tactile intensity and population codes.” *Behavioural Brain Research* 190 (2): 165–173.
 - London, D., A. Fazl, K. Katlowitz, M. Soula, M.H. Pourfar, A.Y. Mogilner and R. Kiani (2021). “Distinct population code for movement kinematics and changes of ongoing movements in human subthalamic nucleus.” *Elife* 10.
- Posttranslational codes / посттрансляционные коды
 - Appella, E. and C.W. Anderson (2000). “Signaling to p53: breaking the posttranslational modification code.” *Pathol Biol (Paris)* 48 (3): 227–245.
 - Benayoun, B.A. and R.A. Veitia (2009). “A post-translational modification code for transcription factors: sorting through a sea of signals.” *Trends Cell Biol* 19 (5): 189–197.
 - York, B., C. Yu, J.V. Sagen, Z. Liu, B.C. Nikolai, R.C. Wu, M. Finegold, J. Xu and B.W. O’Malley (2010). “Reprogramming the posttranslational code of SRC-3 confers a switch in mammalian systems biology.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 107 (24): 11122–11127.
 - Holdermann, I., N.H. Meyer, A. Round, K. Wild, M. Sattler and I. Sinning (2012). “Chromodomains read the arginine code of post-translational targeting.” *Nat Struct Mol Biol* 19 (2): 260–263.
 - Creixell, P. and R. Linding (2012). “Cells, shared memory and breaking the PTM code.” *Mol Syst Biol* 8: 598.
 - Stojkovic, K., S.S. Wing and N. Cermakian (2014). “A central role for ubiquitination within a circadian clock protein modification code.” *Front Mol Neurosci* 7: 69.
 - Pankow, S., C. Bamberger and J.R. Yates, 3rd (2019). “A posttranslational modification code for CFTR maturation is altered in cystic fibrosis.” *Sci Signal* 12 (562).
 - Wen, J. and D. Wang (2022). “Deciphering the PTM codes of the tumor suppressor p53.” *J Mol Cell Biol* 13 (11): 774–785.

- Prion code / код приона
 - Lesné, S.E. (2013). “Breaking the Code of Amyloid- β Oligomers.” *Int J Cell Biol* 2013: 950783.
 - Yahi, N. and J. Fantini (2014). “Deciphering the glycolipid code of Alzheimer's and Parkinson's amyloid proteins allowed the creation of a universal ganglioside-binding peptide.” *PLoS One* 9 (8): e104751.
 - Ahmed, A.B. and A.V. Kajava (2013). “Breaking the amyloidogenicity code: methods to predict amyloids from amino acid sequence.” *FEBS Lett* 587 (8): 1089–1095.
 - Myers, R., A. Cembran and P. Fernandez-Funez (2020). “Insight From Animals Resistant to Prion Diseases: Deciphering the Genotype – Morphotype – Phenotype Code for the Prion Protein.” *Front Cell Neurosci* 14: 254.
 - Coca, J.R., H. Eraña and J. Castilla (2021). “Biosemiotics comprehension of PrP code and prion disease.” *Biosystems* 210: 104542.
- Protein folding code / код фолдинга белка
 - Epstein, C.J. (1966). “Role of the amino-acid ‘code’ and of selection for conformation in the evolution of proteins.” *Nature* 210 (5031): 25–28.
 - Liquori, A.M., P. De Santis, A.L. Kovacs and L. Mazzarella (1966). “Stereochemical code of amino-acid residues: the molecular conformation of gramicidine S.” *Nature* 211 (5053): 1039–1041.
 - Robson, B. and R.H. Pain (1971). “Analysis of the code relating sequence to conformation in proteins: possible implications for the mechanism of formation of helical regions.” *J Mol Biol* 58 (1): 237–259.
 - Robson, B. and R.H. Pain (1974). “Analysis of the code relating sequence to conformation in globular proteins. Development of a stereochemical alphabet on the basis of intra-residue information.” *Biochem J* 141 (3): 869–882.
 - Robson, B. and R.H. Pain (1974). “Analysis of the code relating sequence to conformation in globular proteins. An informational analysis of the role of the residue in determining the conformation of its neighbours in the primary sequence.” *Biochem J* 141 (3): 883–897.
 - Robson, B. and R.H. Pain (1974). “Analysis of the code relating sequence to conformation in globular proteins. The distribution of residue pairs in turns and kinks in the backbone chain.” *Biochem J* 141(3): 899–904.
 - Garnier, J. and J.M. Levin (1991). “The protein structure code: what is its present status?” *Comput Appl Biosci* 7 (2): 133–142.
 - Negrete, J.A., Y. Viñuales and J. Palau (1998). “Deciphering the structural code for proteins: helical propensities in domain classes and statistical multi-residue information in alpha-helices.” *Protein Sci* 7 (6): 1368–1379.
 - Rumbley, J., L. Hoang, L. Mayne and S.W. Englander (2001). “An amino acid code for protein folding.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 98 (1): 105–112.
 - Uversky, V.N. (2002). “Cracking the folding code. Why do some proteins adopt partially folded conformations, whereas other don't?” *FEBS Lett* 514 (2–3): 181–183.

- Goldbeck, R.A., R.M. Esquerra, J.M. Holt, G.K. Ackers and D.S. Kliger (2004). “The molecular code for hemoglobin allostery revealed by linking the thermodynamics and kinetics of quaternary structural change. 1. Microstate linear free energy relations.” *Biochemistry* 43 (38): 12048–12064.
- Hodges, J.A. and R.T. Raines (2005). “Stereo-electronic and steric effects in the collagen triple helix: toward a code for strand association.” *J Am Chem Soc* 127 (45): 15923–15932.
- Shestopalov, B.V. (2007). “The code-based physics of formation of alpha-helices and beta-hairpins in water-soluble proteins.” *Dokl Biochem Biophys* 416: 245–247.
- Wallace, R. (2011). “Structure and dynamics of the ‘protein folding code’ inferred using Tlusty's topological rate distortion approach.” *Biosystems* 103 (1): 18–26.
- Grison, C.M., S. Robin and D.J. Aitken (2015). “The discovery of 9/8-ribbons, β/γ -peptides with curved shapes governed by a combined configuration-conformation code.” *Chem Commun (Camb)* 51 (90): 16233–16236.
- Joo, H., A.G. Chavan, K.J. Fraga and J. Tsai (2015). “An amino acid code for irregular and mixed protein packing.” *Proteins* 83 (12): 2147–2161.
- Fraga, K.J., H. Joo and J. Tsai (2016). “An amino acid code to define a protein's tertiary packing surface.” *Proteins* 84 (2): 201–216.
- Komar, A.A. (2021). “A Code Within a Code: How Codons Fine-Tune Protein Folding in the Cell.” *Biochemistry (Moscow)* 86 (8): 976–991.
- Proteomic code / код протеомики
- Trifonov, E.N. and I.N. Berezovsky (2002). “Proteomic Code.” *Molecular Biology* 36 (2): 239–243.
- Biro, J.C. (2008). “Discovery of proteomic code with mRNA assisted protein folding.” *Int J Mol Sci* 9 (12): 2424–2446.
- Miller, A.D. (2015). “Sense-antisense (complementary) peptide interactions and the proteomic code; potential opportunities in biology and pharmaceutical science.” *Expert Opin Biol Ther* 15 (2): 245–267.
- Quantum code / квантовый код
- Petoukhov, S.V. (2021). “Algebraic harmony and probabilities in genomes. Long-range coherence in quantum code biology.” *Biosystems* 209: 104503.
- Quasi-cyclic codes / квазициклический код
- Ravanmehr, V. and B. Vasić (2012). Quasi-cyclic codes exhibiting the gene regulatory network of the cell cycle. 2012 IEEE Symposium on Computational Intelligence in Bioinformatics and Computational Biology (CIBCB).
- Rag GTPase dimer code / код димера Rag GTPase
- Gollwitzer, P., N. Grützmacher, S. Wilhelm, D. Kümmel and C. Demetriades (2022). “A Rag GTPase dimer code defines the regulation of mTORC1 by amino acids.” *Nat Cell Biol* 24 (9): 1394–1406.

- Reading code / код чтения
 - Zecker, S.G. (1991). “The orthographic code: Developmental trends in reading-disabled and normally-achieving children.” *Ann Dyslexia* 41 (1): 178–192.
 - Dehaene, S., L. Cohen, M. Sigman and F. Vinckier (2005). “The neural code for written words: a proposal.” *Trends Cogn Sci* 9 (7): 335–341.
 - Goswami, U. and J.C. Ziegler (2006). “A developmental perspective on the neural code for written words.” *Trends in Cognitive Sciences* 10: 142–143.
 - Houghton, G. (2018). “Action and perception in literacy: A common-code for spelling and reading.” *Psychol Rev* 125 (1): 83–116.
 - Agrawal, A., K. Hari and S.P. Arun (2020). “A compositional neural code in high-level visual cortex can explain jumbled word reading.” *Elife* 9.
- Recognition code / код распознавания
 - Freist, W. and F. Cramer (1976). “A binary code model for substrate recognition of aminoacyl-tRNA ligases.” *J Theor Biol* 58 (2): 401–416.
 - Fellouse, F.A., B. Li, D.M. Compaan, A.A. Peden, S.G. Hymowitz and S.S. Sidhu (2005). “Molecular recognition by a binary code.” *J Mol Biol* 348 (5): 1153–1162.
- Recombination codes / коды рекомбинации
 - Jabbari, K., J. Wirtz, M. Rauscher and T. Wiehe (2019). “A common genomic code for chromatin architecture and recombination landscape.” *PLoS One* 14 (3): e0213278.
 - Chen, H., H. Yang, X. Zhu, T. Yadav, J. Ouyang, S.S. Truesdell, J. Tan, Y. Wang, M. Duan, L. Wie, L. Zou, A.S. Levine, S. Vasudevan and L. Lan (2020). “m (5) C modification of mRNA serves a DNA damage code to promote homologous recombination.” *Nat Commun* 11 (1): 2834.
 - Paulet, L., A. Trecourt, A. Leary, J. Peron, F. Descotes, M. Devouassoux-Shisheboran, K. Leroy, B. You and J. Lopez (2022). “Cracking the homologous recombination deficiency code: how to identify responders to PARP inhibitors.” *Eur J Cancer* 166: 87–99.
- Redox code / окислительно-восстановительный код
 - Steinhoff, G. (2021). “Deciphering the Code: Stem Cell-Immune Function and Cardiac Regeneration.” *Cells* 10 (3).
- Regeneration code / код регенерации
 - Helmann, J.D. (2002). “OxyR: a molecular code for redox sensing?” *Sci STKE* 2002 (157): pe46.
 - Jones, D.P. and H. Sies (2015). “The Redox Code.” *Antioxid Redox Signal* 23 (9): 734–746.
- Renal code / почечный код
 - Gawlik, A. and S.E. Quaggin (2004). “Deciphering the renal code: advances in conditional gene targeting.” *Physiology (Bethesda)* 19: 245–252.
 - Endre, Z.H. and M. Fernando (2016). “Unlocking the code: mining the urinary proteome after renal transplantation.” *Kidney Int* 89 (6): 1183–1185.

- Repair code / код восстановления
 - Hassa, P.O. and M.O. Hottiger (2005). “An epigenetic code for DNA damage repair pathways?” *Biochem Cell Biol* 83 (3): 270–285.
 - van Attikum, H. and S.M. Gasser (2005). “The histone code at DNA breaks: a guide to repair?” *Nature Reviews Molecular Cell Biology* 6 (10): 757–765.
 - Loizou, J.I., R. Murr, M.G. Finkbeiner, C. Sawan, Z.-Q. Wang and Z. Herceg (2006). “Epigenetic Information in Chromatin: the Code of Entry for DNA Repair.” *Cell Cycle* 5 (7): 696–701.
 - Escargueil, A.E., D.G. Soares, M. Salvador, A.K. Larsen and J.A. P. Henriques (2008). “What histone code for DNA repair?” *Mutation Research/Reviews in Mutation Research* 658 (3): 259–270.
 - Corpet, A. and G. Almouzni (2009). “A histone code for the DNA damage response in mammalian cells?” *Embo j* 28 (13): 1828–1830.
 - DeMicco, A. and C.H. Bassing (2010). “Deciphering the DNA damage histone code.” *Cell Cycle* 9 (19): 3845.
 - Vaissière, T. and Z. Herceg (2010). “Histone code in the cross-talk during DNA damage signaling.” *Cell Res* 20 (2): 113–115.
 - Sartori, A.A. and M. Steger (2013). “Prolyl isomerization: A new PIN code for DSB repair.” *Cell Cycle* 12 (17): 2717–2718.
 - Paquin, K.L. and N.G. Howlett (2018). “Understanding the Histone DNA Repair Code: H4 K20 me2 Makes Its Mark.” *Molecular Cancer Research* 16 (9): 1335–1345.
 - Singh, J.K., S.M. Noordermeer, J. Jimenez-Sainz, D.G. Maranon and M. Altmeyer (2022). “Editorial: Protecting the code: DNA double-strand break repair pathway choice.” *Front Genet* 13: 993889.
- Representation code / код репрезентации
 - Floyd, B., T. Santander and W. Weimer (2017). *Decoding the Representation of Code in the Brain: An fMRI Study of Code Review and Expertise*. 2017 IEEE/ACM 39th International Conference on Software Engineering (ICSE).
- Retina code / ретиновый код
 - Easter, S.S., Jr. (1968). “Excitation in the goldfish retina: evidence for a non-linear intensity code.” *J Physiol* 195 (2): 253–271.
 - Meister, M. and M.J. Berry, 2nd (1999). “The neural code of the retina.” *Neuron* 22 (3): 435–450.
 - Puchalla, J.L., E. Schneidman, R.A. Harris and M.J. Berry (2005). “Redundancy in the population code of the retina.” *Neuron* 46 (3): 493–504.
 - Frechette, E.S., A. Sher, M.I. Grivich, D. Petrusca, A.M. Litke and E.J. Chichilnisky (2005). “Fidelity of the ensemble code for visual motion in primate retina.” *J Neurophysiol* 94 (1): 119–135.
 - Yamagata, M. and J.R. Sanes (2012). “Expanding the Ig superfamily code for laminar specificity in retina: expression and role of contactins.” *J Neurosci* 32 (41): 14402–14414.

- Ioffe, M.L. and M.J. Berry, 2nd (2017). “The structured ‘low temperature’ phase of the retinal population code.” *PLoS Comput Biol* 13 (10): e1005792.
- Berry Ii, M.J., F. Lebois, A. Ziskind and R.A. da Silveira (2019). “Functional Diversity in the Retina Improves the Population Code.” *Neural Comput* 31 (2): 270–311.
- Yang, X., B. Gong and J.W. Lu (2015). “Frequency spectrum might act as communication code between retina and visual cortex I.” *Int J Ophthalmol* 8 (6): 1107–1111.
 - RNA code / код РНК
- Hou, Y.M. and P. Schimmel (1988). “A simple structural feature is a major determinant of the identity of a transfer RNA.” *Nature* 333 (6169): 140–145.
- Schimmel, P., R. Giegé, D. Moras and S. Yokoyama (1993). “An operational RNA code for amino acids and possible relationship to genetic code.” *Proceedings of the National Academy of Sciences* 90 (19): 8763–8768.
- José, M.V., E.R. Morgado and T. Govezensky (2006). “An Extended RNA Code and its Relationship to the Standard Genetic Code: An Algebraic and Geometrical Approach.” *Bulletin of Mathematical Biology* 69 (1): 215.
- Faria, M. (2007). *RNA As Code Makers: A Biosemiotic View Of RNAi And Cell Immunity. Introduction to Biosemiotics: The New Biological Synthesis.* M. Barbieri. Dordrecht, Springer Netherlands: 347–364.
- Shaul, S., D. Berel, Y. Benjamini and D. Graur (2010). “Revisiting the operational RNA code for amino acids: Ensemble attributes and their implications.” *Rna* 16 (1): 141–153.
- Müller, S. (2010). “Reading the code of single RNA molecules.” *Angew Chem Int Ed Engl* 49 (7): 1197–1199.
- Wright, J.E., D. Gaidatzis, M. Senften, B.M. Farley, E. Westhof, S.P. Ryder and R. Ciosek (2011). “A quantitative RNA code for mRNA target selection by the germline fate determinant GLD-1.” *Embo j* 30 (3): 533–545.
- Agris, P.F. (2015). “The importance of being modified: an unrealized code to RNA structure and function.” *Rna* 21(4): 552–554.
- Brannan, K.W. and G.W. Yeo (2016). “From Protein-RNA Predictions toward a Peptide-RNA Code.” *Mol Cell* 64 (3): 437–438.
- Chi, K.R. (2017). “The RNA code comes into focus.” *Nature* 542 (7642): 503–506.
- Carter, C.W., Jr. and P.R. Wills (2018). “Hierarchical groove discrimination by Class I and II aminoacyl-tRNA synthetases reveals a palimpsest of the operational RNA code in the tRNA acceptor-stem bases.” *Nucleic Acids Res* 46 (18): 9667–9683.
- Kleiner, R.E. (2018). “Reading the RNA Code.” *Biochemistry* 57 (1): 11–12.
- Demongeot, J. and H. Seligmann (2020). “The primordial tRNA acceptor stem code from theoretical minimal RNA ring clusters.” *BMC Genet* 21 (1): 7.

- RNAi code / код РНК-интерференции
 - Siomi, H. and M.C. Siomi (2009). “On the road to reading the RNA-interference code.” *Nature* 457 (7228): 396–404.
 - RNA recognition code /
 - Pitici, F., D.L. Beveridge and A.M. Baranger (2002). “Molecular dynamics simulation studies of induced fit and conformational capture in U1 A-RNA binding: do molecular substates code for specificity?” *Biopolymers* 65 (6): 424–435.
 - Yeo, G.W., N.G. Coufal, T.Y. Liang, G.E. Peng, X.D. Fu and F.H. Gage (2009). “An RNA code for the FOX2 splicing regulator revealed by mapping RNA-protein interactions in stem cells.” *Nat Struct Mol Biol* 16 (2): 130–137.
 - Yarus, M., J.J. Widmann and R. Knight (2009). “RNA-amino acid binding: a stereochemical era for the genetic code.” *J Mol Evol* 69 (5): 406–429.
 - Filipovska, A., M.F. Razif, K.K. Nygård and O. Rackham (2011). “A universal code for RNA recognition by PUF proteins.” *Nat Chem Biol* 7 (7): 425–427.
 - Chen, Y. and G. Varani (2011). “Finding the missing code of RNA recognition by PUF proteins.” *Chem Biol* 18 (7): 821–823.
 - Barkan, A., M. Rojas, S. Fujii, A. Yap, Y.S. Chong, C.S. Bond and I. Small (2012). “A combinatorial amino acid code for RNA recognition by pentatricopeptide repeat proteins.” *PLoS Genet* 8 (8): e1002910.
 - Cléry, A., J. Boudet and F.H. Allain (2013). “Single-stranded nucleic acid recognition: is there a code after all?” *Structure* 21 (1): 4–6.
 - Hennig, J., F. Gebauer and M. Sattler (2014). “Breaking the protein-RNA recognition code.” *Cell Cycle* 13 (23): 3619–3620.
 - Campbell, Z.T., C.T. Valley and M. Wickens (2014). “A protein-RNA specificity code enables targeted activation of an endogenous human transcript.” *Nat Struct Mol Biol* 21 (8): 732–738.
 - Nawy, T. (2014). “A protein code to target RNA.” *Nat Methods* 11 (9): 888–889.
 - Scent codes / коды запаха
 - Wright, G.A. and F.P. Schiestl (2009). “The evolution of floral scent: the influence of olfactory learning by insect pollinators on the honest signalling of floral rewards.” *Functional Ecology* 23 (5): 841–851.
 - Ferrero, D.M. and S.D. Liberles (2010). “The secret codes of mammalian scents.” *WIREs Systems Biology and Medicine* 2 (1): 23–33.
 - Segregation code / сегрегационный код
 - Monda, J.K. and I.M. Cheeseman (2015). “Chromosome Segregation: A Spatial Code to Correct Kinetochore-Microtubule Attachments.” *Curr Biol* 25 (14): R601–603.
 - Nitzan, E., S. Krispin, E.R. Pfaltzgraff, A. Klar, P.A. Labosky and C. Kalcheim (2013). “A dynamic code of dorsal neural tube genes regulates the

segregation between neurogenic and melanogenic neural crest cells.” *Development* 140 (11): 2269–2279.

- Semaphorin code / код семафорина
 - Cohen, S., L. Funkelstein, J. Livet, G. Rougon, C.E. Henderson, V. Castellani and F. Mann (2005). “A semaphorin code defines subpopulations of spinal motor neurons during mouse development.” *Eur J Neurosci* 21 (7): 1767–1776.
 - Berke, B. and H. Keshishian (2011). “Cracking the combinatorial semaphorin code.” *Neuron* 70 (2): 175–177.
 - Wu, Z., L.B. Sweeney, J.C. Ayoob, K. Chak, B.J. Andreone, T. Ohyama, R. Kerr, L. Luo, M. Zlatic and A.L. Kolodkin (2011). “A combinatorial semaphorin code instructs the initial steps of sensory circuit assembly in the *Drosophila* CNS.” *Neuron* 70 (2): 281–298.
- Sensory code / сенсорный код
 - Felsten, G. and G.S. Wasserman (1979). “The photoreceptor sensory code for pattern identification during visual masking.” *Sens Processes* 3 (3): 230–239.
- SeqCode
 - Hedlund, B.P., M. Chuvochina, P. Hugenholtz, K.T. Konstantinidis, A.E. Murray, M. Palmer, D.H. Parks, A.J. Probst, A.L. Reysenbach, R.L. Rodriguez, R. Rossello-Mora, I.C. Sutcliffe, S.N. Venter and W.B. Whitman (2022). “SeqCode: a nomenclatural code for prokaryotes described from sequence data.” *Nat Microbiol* 7 (10): 1702–1708.
- Sequence codes / коды последовательности
 - Trifonov, E.N. (1987). “Translation framing code and frame-monitoring mechanism as suggested by the analysis of mRNA and 16 S rRNA nucleotide sequences.” *Journal of Molecular Biology* 194 (4): 643–652.
 - Trifonov, E.N. (1988). “Codes of nucleotide sequences.” *Mathematical Biosciences* 90 (1): 507–517.
 - Trifonov, E.N. (1989). “The multiple codes of nucleotide sequences.” *Bulletin of Mathematical Biology* 51 (4): 417–432.
 - Vogt, P. (1990). “Potential genetic functions of tandem repeated DNA sequence blocks in the human genome are based on a highly conserved ‘chromatin folding code’.” *Hum Genet* 84 (4): 301–336.
 - Trifonov, E.N. (1999). “Elucidating sequence codes: three codes for evolution.” *Ann N Y Acad Sci* 870: 330–338.
 - Sotolongo, B. and W.S. Ward (2000). “DNA loop domain organization: the three-dimensional genomic code.” *J Cell Biochem Suppl* 35: 23–26.
 - Trifonov, E.N. (2008). *Codes of Biosequences. The Codes of Life: The Rules of Macroevolution.* M. Barbieri and J. Hoffmeyer. Dordrecht, Springer Netherlands: 3–14.
 - Trifonov, E.N. (2011). “Thirty years of multiple sequence codes.” *Genomics Proteomics Bioinformatics* 9 (1–2): 1–6.

- Trifonov, E.N. (2011). “Cracking the chromatin code: precise rule of nucleosome positioning.” *Phys Life Rev* 8 (1): 39–50.
- Ciribilli, Y., P. Monti, A. Bisio, H.T. Nguyen, A.S. Ethayathulla, A. Ramos, G. Foggetti, P. Menichini, D. Menendez, M.A. Resnick, H. Viadiu, G. Fronza and A. Inga (2013). “Transactivation specificity is conserved among p53 family proteins and depends on a response element sequence code.” *Nucleic Acids Res* 41 (18): 8637–8653.
- Durán, E., S. Djebali, S. González, O. Flores, J.M. Mercader, R. Guigó, D. Torrents, M. Soler-López and M. Orozco (2013). “Unravelling the hidden DNA structural/physical code provides novel insights on promoter location.” *Nucleic Acids Res* 41 (15): 7220–7230.
- Herbert, A. (2019). “A Genetic Instruction Code Based on DNA Conformation.” *Trends Genet* 35 (12): 887–890.
- Ling, J., K.Y. Umezawa, T. Scott and S. Small (2019). “Bicoid-Dependent Activation of the Target Gene hunchback Requires a Two-Motif Sequence Code in a Specific Basal Promoter.” *Mol Cell* 75 (6): 1178–1187. e1174.
- Marzec, M. (2021). “Uncovering the Mechanical Code of DNA Using 'Loop-seq'.” *Trends Genet* 37 (6): 494–495.
- Esposito, A., S. Bianco, A.M. Chiariello, A. Abraham, L. Fiorillo, M. Conte, R. Campanile and M. Nicodemi (2022). “Polymer physics reveals a combinatorial code linking 3D chromatin architecture to 1D chromatin states.” *Cell Rep* 38 (13): 110601.
- Sexual codes / сексуальные коды
 - Sallee, M.D., H.E. Littleford and I. Greenwald (2017). “A bHLH Code for Sexually Dimorphic Form and Function of the *C. elegans* Somatic Gonad.” *Curr Biol* 27 (12): 1853–1860. e1855.
- Signal integration code / код интегрирования сигнала
 - Kim, J.H., J.M. Lee, H.J. Nam, H.J. Choi, J.W. Yang, J.S. Lee, M.H. Kim, S.I. Kim, C.H. Chung, K.I. Kim and S.H. Baek (2007). “SUMOylation of pontin chromatin-remodeling complex reveals a signal integration code in prostate cancer cells.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 104 (52): 20793–20798.
 - Aberger, F. and A. Ruiz i Altaba (2014). “Context-dependent signal integration by the GLI code: the oncogenic load, pathways, modifiers and implications for cancer therapy.” *Semin Cell Dev Biol* 33 (100): 93–104.
- Signal transduction code / код преобразования сигнала
 - Prank, K., F. Gabbiani and G. Brabant (2000). “Coding efficiency and information rates in transmembrane signaling.” *Biosystems* 55 (1): 15–22.
 - Barbieri, M. (2003). *The organic codes. An introduction to semantic biology.*, Cambridge University Press.
 - Bruni, L.E. (2007). *Cellular Semiotics And Signal Transduction. Introduction to Biosemiotics: The New Biological Synthesis.* M. Barbieri. Dordrecht, Springer Netherlands: 365–408.

- Faria, M. (2008). Signal Transduction Codes and Cell Fate. The Codes of Life: The Rules of Macroevolution. M. Barbieri and J. Hoffmeyer. Dordrecht, Springer Netherlands: 265–283.
- Bengtsson, F. and H. Jörntell (2009). “Sensory transmission in cerebellar granule cells relies on similarly coded mossy fiber inputs.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 106 (7): 2389–2394.
- Maraldi, N.M. (2019). “In search of a primitive signaling code.” *Biosystems* 183: 103984.
- Madsen, R.R. and B. Vanhaesebroeck (2020). “Cracking the context-specific PI3 K signaling code.” *Science Signaling* 13 (613): eaay2940.
- Social information code / код социальной информации
- Knutson, B. and G.E. Wimmer (2007). “Splitting the difference: how does the brain code reward episodes?” *Ann N Y Acad Sci* 1104: 54–69.
- Kahnt, T., J. Heinzle, S.Q. Park and J.D. Haynes (2010). “The neural code of reward anticipation in human orbitofrontal cortex.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 107 (13): 6010–6015.
- Hale, L.A., E.S. Lee, A.K. Pantazis, N. Chronis and S.H. Chalasani (2016). “Altered Sensory Code Drives Juvenile-to-Adult Behavioral Maturation in *Caenorhabditis elegans*.” *eNeuro* 3 (6).
- Ponsot, E., J.J. Burred, P. Belin and J.J. Aucouturier (2018). “Cracking the social code of speech prosody using reverse correlation.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 115 (15): 3972–3977.
- Dabney, W., Z. Kurth-Nelson, N. Uchida, C.K. Starkweather, D. Hassabis, R. Munos and M. Botvinick (2020). “A distributional code for value in dopamine-based reinforcement learning.” *Nature* 577 (7792): 671–675.
- Salazar, V. and A. Silva (2022). “Neural processing: Cracking the code to extract relevant social information.” *Curr Biol* 32 (1): R32-r34.
- Socio-chemical codes / социохимические коды
- Mardon, J., S.M. Saunders, M.J. Anderson, C. Couchoux and F. Bonadonna (2010). “Species, gender, and identity: cracking petrels’ sociochemical code.” *Chem Senses* 35 (4): 309–321.
- Sodium/calcium code / код натрий-кальциевого обменника
- Lariccia, V., S. Piccirillo, A. Preziuso, S. Amoroso and S. Magi (2020). “Cracking the code of sodium/calcium exchanger (NCX) gating: Old and new complexities surfacing from the deep web of secondary regulations.” *Cell Calcium* 87: 102169.
- Spatial code / пространственный код
- Bertera, J.H. (1992). “Spatial code interference on directional responses.” *Spat Vis* 6 (2): 81–88.
- O’Keefe, J. and N. Burgess (1996). “Geometric determinants of the place fields of hippocampal neurons.” *Nature* 381 (6581): 425–428.
- Hafting, T., M. Fyhn, S. Molden, M.B. Moser and E.I. Moser (2005). “Microstructure of a spatial map in the entorhinal cortex.” *Nature* 436 (7052): 801–806.

- O'Keefe, J. and N. Burgess (2005). "Dual phase and rate coding in hippocampal place cells: theoretical significance and relationship to entorhinal grid cells." *Hippocampus* 15 (7): 853–866.
- Brandon, M.P. and M.E. Hasselmo (2009). "Sources of the spatial code within the hippocampus." *F1000 Biol Rep* 1: 3.
- Rochefort, C., A. Arabo, M. André, B. Poucet, E. Save and L. Rondireig (2011). "Cerebellum Shapes Hippocampal Spatial Code." *Science* 334 (6054): 385–389.
- Gombkőto, P., A. Rókszin, A. Berényi, G. Braunitzer, G. Utassy, G. Benedek and A. Nagy (2011). "Neuronal code of spatial visual information in the caudate nucleus." *Neuroscience* 182: 225–231.
- Baj, G., V. D'Alessandro, L. Musazzi, A. Mallei, C.R. Sartori, M. Sciancalepore, D. Tardito, F. Langone, M. Popoli and E. Tongiorgi (2012). "Physical exercise and antidepressants enhance BDNF targeting in hippocampal CA3 dendrites: further evidence of a spatial code for BDNF splice variants." *Neuropsychopharmacology* 37 (7): 1600–1611.
- Weber, A.I., H.P. Saal, J.D. Lieber, J.W. Cheng, L.R. Manfredi, J.F. Dammann, 3rd and S.J. Bensmaia (2013). "Spatial and temporal codes mediate the tactile perception of natural textures." *Proc Natl Acad Sci U S A* 110 (42): 17107–17112.
- Chen, G., J.A. King, N. Burgess and J. O'Keefe (2013). "How vision and movement combine in the hippocampal place code." *Proc Natl Acad Sci U S A* 110 (1): 378–383.
- Wilms, C.D. and M. Häusser (2015). "Reading out a spatiotemporal population code by imaging neighbouring parallel fibre axons in vivo." *Nat Commun* 6: 6464.
- Peyrache, A., N. Schieferstein and G. Buzsáki (2017). "Transformation of the head-direction signal into a spatial code." *Nat Commun* 8 (1): 1752.
- Jeffery, K.J. (2021). "How environmental movement constraints shape the neural code for space." *Cogn Process* 22 (Suppl 1): 97–104.
- Tomar, A. and T.J. McHugh (2022). "The impact of stress on the hippocampal spatial code." *Trends Neurosci* 45 (2): 120–132.
- Speech code / речевой код
- Kuhl, P.K. (2004). "Early language acquisition: cracking the speech code." *Nature Reviews Neuroscience* 5 (11): 831–843.
- Papoutsis, M., J.A. de Zwart, J.M. Jansma, M.J. Pickering, J.A. Bednar and B. Horwitz (2009). "From Phonemes to Articulatory Codes: An fMRI Study of the Role of Broca's Area in Speech Production." *Cerebral Cortex* 19 (9): 2156–2165.
- Sato, M., K. Grabski, M. Garnier, L. Granjon, J.L. Schwartz and N. Nguyen (2013). "Converging toward a common speech code: imitative and perceptuo-motor recalibration processes in speech production." *Front Psychol* 4: 422.

- Schuerman, W.L., A.S. Meyer and J.M. McQueen (2017). “Mapping the Speech Code: Cortical Responses Linking the Perception and Production of Vowels.” *Front Hum Neurosci* 11: 161.
- Sperm code / код спермы
- Zhang, Y., J. Shi, M. Rassoulzadegan, F. Tuorto and Q. Chen (2019). “Sperm RNA code programmes the metabolic health of offspring.” *Nat Rev Endocrinol* 15 (8): 489–498.
- Zhang, Y. and Q. Chen (2020). “Human sperm RNA code senses dietary sugar.” *Nat Rev Endocrinol* 16 (4): 200–201.
- Spike code / код потенциала действия (спайка)
- Eyherabide, H.G., A. Rokem, A.V. Herz and I. Samengo (2009). “Bursts generate a non-reducible spike-pattern code.” *Front Neurosci* 3 (1): 8–14.
- Li, M. and J.Z. Tsien (2017). “Neural Code–Neural Self-information Theory on How Cell-Assembly Code Rises from Spike Time and Neuronal Variability.” *Frontiers in Cellular Neuroscience* 11.
- Splicing code / код сплайсинга
- Manet, E., H. Gruffat, M.C. Trescol-Biemont, N. Moreno, P. Chambard, J.F. Giot and A. Sergeant (1989). “Epstein-Barr virus bicistronic mRNAs generated by facultative splicing code for two transcriptional trans-activators.” *Embo j* 8 (6): 1819–1826.
- Agorio, A., C. Chalar, S. Cardozo and G. Salinas (2003). “Alternative mRNAs arising from trans-splicing code for mitochondrial and cytosolic variants of *Echinococcus granulosus* thioredoxin Glutathione reductase.” *J Biol Chem* 278 (15): 12920–12928.
- Barbieri, M. (2003). *The organic codes. An introduction to semantic biology.*, Cambridge University Press.
- Fu, X.D. (2004). “Towards a splicing code.” *Cell* 119(6): 736–738.
- Grabowski, P.J. (2004). “A molecular code for splicing silencing: configurations of guanosine-rich motifs.” *Biochem Soc Trans* 32 (Pt 6): 924–927.
- Boucard, A.A., A.A. Chubykin, D. Comoletti, P. Taylor and T.C. Südhof (2005). “A splice code for trans-synaptic cell adhesion mediated by binding of neuroligin 1 to alpha- and beta-neurexins.” *Neuron* 48 (2): 229–236.
- Han, K., G. Yeo, P. An, C.B. Burge and P.J. Grabowski (2005). “A combinatorial code for splicing silencing: UAGG and GGGG motifs.” *PLoS Biol* 3 (5): e158.
- Matlin, A.J., F. Clark and C.W. J. Smith (2005). “Understanding alternative splicing: towards a cellular code.” *Nature Reviews Molecular Cell Biology* 6 (5): 386–398.
- Wang, G.S. and T.A. Cooper (2007). “Splicing in disease: disruption of the splicing code and the decoding machinery.” *Nat Rev Genet* 8 (10): 749–761.
- Wang, Z. and C.B. Burge (2008). “Splicing regulation: from a parts list of regulatory elements to an integrated splicing code.” *Rna* 14 (5): 802–813.

- Dhir, A., E. Buratti, M.A. van Santen, R. Lührmann and F.E. Baralle (2010). “The intronic splicing code: multiple factors involved in ATM pseudoexon definition.” *Embo j* 29 (4): 749–760.
- Wei, Z. and M. Zhang (2010). “A structural approach to decipher the neurexin and neuroligin splice isoform code.” *Neuron* 67 (1): 1–2.
- Liu, Y. and D.J. Elliott (2010). “Coupling genetics and post-genomic approaches to decipher the cellular splicing code at a systems-wide level.” *Biochem Soc Trans* 38 (Pt 1): 237–241.
- Barash, Y., J.A. Calarco, W. Gao, Q. Pan, X. Wang, O. Shai, B.J. Blencowe and B.J. Frey (2010). “Deciphering the splicing code.” *Nature* 465 (7294): 53–59.
- Reddy, A.S., M.F. Rogers, D.N. Richardson, M. Hamilton and A. Ben-Hur (2012). “Deciphering the plant splicing code: experimental and computational approaches for predicting alternative splicing and splicing regulatory elements.” *Front Plant Sci* 3: 18.
- Xiong, H.Y., B. Alipanahi, L.J. Lee, H. Bretschneider, D. Merico, R.K. Yuen, Y. Hua, S. Gueroussov, H.S. Najafabadi, T.R. Hughes, Q. Morris, Y. Barash, A.R. Krainer, N. Jovic, S.W. Scherer, B.J. Blencowe and B.J. Frey (2015). “RNA splicing. The human splicing code reveals new insights into the genetic determinants of disease.” *Science* 347 (6218): 1254806.
- Greenwald, S.H., J.A. Kuchenbecker, J.S. Rowlan, J. Neitz and M. Neitz (2017). “Role of a Dual Splicing and Amino Acid Code in Myopia, Cone Dysfunction and Cone Dystrophy Associated with L/M Opsin Interchange Mutations.” *Transl Vis Sci Technol* 6 (3): 2.
- Baralle, M. and F.E. Baralle (2018). “The splicing code.” *Biosystems* 164: 39–48.
- Bao, S., D.F. Moakley and C. Zhang (2019). “The Splicing Code Goes Deep.” *Cell* 176 (3): 414–416.
- Colliva, A. and E. Tongiorgi (2021). “Distinct role of 5'UTR sequences in dendritic trafficking of BDNF mRNA: additional mechanisms for the BDNF splice variants spatial code.” *Mol Brain* 14 (1): 10.
- Saha, K., M.M. Fernandez, T. Biswas, S. Joseph and G. Ghosh (2021). “Discovery of a pre-mRNA structural scaffold as a contributor to the mammalian splicing code.” *Nucleic Acids Res* 49 (12): 7103–7121.
- Stem cell code / код стволовых клеток
- Richard, V. and M.R. Pillai (2010). “The stem cell code in oral epithelial tumorigenesis: ‘the cancer stem cell shift hypothesis’.” *Biochim Biophys Acta* 1806 (2): 146–162.
- Substrate specificity code / код субстратной специфичности
- Schneider, K., K. Hövel, K. Witzel, B. Hamberger, D. Schomburg, E. Kombrink and H.P. Stübgen (2003). “The substrate specificity-determining amino acid code of 4-coumarate: CoA ligase.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 100 (14): 8601–8606.

- Sugar code / код сахара
 - Gabius, H.J. (2000). “Biological information transfer beyond the genetic code: the sugar code.” *Naturwissenschaften* 87 (3): 108–121.
 - Gabius, H.-J., S. André, H. Kaltner and H.-C. Siebert (2002). “The sugar code: functional lectinomics.” *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) – General Subjects* 1572 (2): 165–177.
 - Gabius, H.J. (2004). “The sugar code in drug delivery.” *Adv Drug Deliv Rev* 56 (4): 421–424.
 - Gabius, H.J., H.C. Siebert, S. André, J. Jiménez-Barbero and H. Rüdiger (2004). “Chemical biology of the sugar code.” *Chembiochem* 5 (6): 740–764.
 - Holt, C.E. and B.J. Dickson (2005). “Sugar Codes for Axons?” *Neuron* 46 (2): 169–172.
 - Gabius, H.-J. (2008). *Biological Information Transfer Beyond the Genetic Code: The Sugar Code. The Codes of Life: The Rules of Macroevolution.* M. Barbieri and J. Hoffmeyer. Dordrecht, Springer Netherlands: 223–246.
 - Lawrence, R., H. Lu, R.D. Rosenberg, J.D. Esko and L. Zhang (2008). “Disaccharide structure code for the easy representation of constituent oligosaccharides from glycosaminoglycans.” *Nat Methods* 5 (4): 291–292.
 - Gabius H.-J., ed. (2009) *The Sugar Code. Fundamentals of Glycosciences.* Wiley-Blackwell.
 - Gabius, H.J., S. André, J. Jiménez-Barbero, A. Romero and D. Solís (2011). “From lectin structure to functional glycomics: principles of the sugar code.” *Trends Biochem Sci* 36 (6): 298–313.
 - Murphy, P.V., S. André and H.J. Gabius (2013). “The third dimension of reading the sugar code by lectins: design of glycoclusters with cyclic scaffolds as tools with the aim to define correlations between spatial presentation and activity.” *Molecules* 18 (4): 4026–4053.
 - Langford-Smith, A., A.J. Day, P.N. Bishop and S.J. Clark (2015). “Complementing the Sugar Code: Role of GAGs and Sialic Acid in Complement Regulation.” *Front Immunol* 6: 25.
 - Gabius, H.-J. and J. Roth (2017). “An introduction to the sugar code.” *Histochemistry and Cell Biology* 147 (2): 111–117.
 - Taubenschmid, J., J. Stadlmann, M. Jost, T.I. Klok, C.D. Rillahan, A. Leibbrandt, K. Mechtler, J.C. Paulson, J. Jude, J. Zuber, K. Sandvig, U. Elling, T. Marquardt, C. Thiel, C. Koerner and J.M. Penninger (2017). “A vital sugar code for ricin toxicity.” *Cell Res* 27 (11): 1351–1364.
 - Gabius, H.J. (2018). “The sugar code: Why glycans are so important.” *Biosystems* 164: 102–111.
 - Kaltner, H. and H.J. Gabius (2019). “Sensing Glycans as Biochemical Messages by Tissue Lectins: The Sugar Code at Work in Vascular Biology.” *Thromb Haemost* 119 (4): 517–533.

- Kaltner, H., J. Abad-Rodríguez, A.P. Corfield, J. Kopitz and H.J. Gabius (2019). “The sugar code: letters and vocabulary, writers, editors and readers and biosignificance of functional glycan-lectin pairing.” *Biochem J* 476 (18): 2623–2655.
- Strasser, R., G. Seifert, M.S. Doblin, K.L. Johnson, C. Ruprecht, F. Pfrengle, A. Bacic and J.M. Estevez (2021). “Cracking the ‘Sugar Code’: A Snapshot of N- and O-Glycosylation Pathways and Functions in Plants Cells.” *Front Plant Sci* 12: 640919.
- Wanke, A., M. Malisic, S. Wawra and A. Zuccaro (2021). “Unraveling the sugar code: the role of microbial extracellular glycans in plant-microbe interactions.” *J Exp Bot* 72 (1): 15–35.
- Gabius, H.J., M. Cudic, T. Diercks, H. Kaltner, J. Kopitz, K.H. Mayo, P.V. Murphy, S. Oscarson, R. Roy, A. Schedlbauer, S. Toegel and A. Romero (2022). “What is the Sugar Code?” *Chembiochem* 23 (13): e202100327.
- Sulfation code / код сульфатирования
 - Habuchi, H., O. Habuchi and K. Kimata (2004). “Sulfation pattern in glycosaminoglycan: does it have a code?” *Glycoconj J* 21 (1–2): 47–52.
 - Gama, C.I., S.E. Tully, N. Sotogaku, P.M. Clark, M. Rawat, N. Vaidehi, W.A. Goddard, A. Nishi and L.C. Hsieh-Wilson (2006). “Sulfation patterns of glycosaminoglycans encode molecular recognition and activity.” *Nature Chemical Biology* 2 (9): 467–473.
 - Yamada, M. and T. Hamaguchi (2018). “The sulfation code for propagation of neurodegeneration.” *J Biol Chem* 293 (27): 10841–10842.
 - Mah, D., J. Zhao, X. Liu, F. Zhang, J. Liu, L. Wang, R. Linhardt and C. Wang (2021). “The Sulfation Code of Tauopathies: Heparan Sulfate Proteoglycans in the Prion Like Spread of Tau Pathology.” *Front Mol Biosci* 8: 671458.
 - Holmes, S.G., B. Nagarajan and U.R. Desai (2022). “3-O-Sulfation induces sequence-specific compact topologies in heparan sulfate that encode a dynamic sulfation code.” *Computational and Structural Biotechnology Journal* 20: 3884–3898.
- Sulfur code / серный код
 - Shim, H.S. and V.D. Longo (2015). “A protein restriction-dependent sulfur code for longevity.” *Cell* 160 (1–2): 15–17.
- SUMO code / код SUMO
 - Kim, K.I. and S.H. Baek (2006). “SUMOylation code in cancer development and metastasis.” *Mol Cells* 22 (3): 247–253.
 - Yang, Z., Y. Zhang and S. Sun (2019). “Deciphering the SUMO code in the kidney.” *J Cell Mol Med* 23 (2): 711–719.
- Surface code / код поверхности
 - Xie, Q., J. Li, H. Li, N.D. Udeshi, T. Svinkina, D. Orlin, S. Kohani, R. Guajardo, D.R. Mani, C. Xu, T. Li, S. Han, W. Wei, S.A. Shuster, D.J. Luginbuhl, S.R. Quake, S.E. Murthy, A.Y. Ting, S.A. Carr and L. Luo (2022).

“Transcription factor Acj6 controls dendrite targeting via a combinatorial cell-surface code.” *Neuron* 110 (14): 2299–2314. e2298.

- Survival code / код выживания

- Füllgrabe, J., N. Heldring, O. Hermanson and B. Joseph (2014).

“Cracking the survival code: autophagy-related histone modifications.” *Autophagy* 10 (4): 556–561.

- Synaptic code / синаптический код

- Shapiro, L. and D.R. Colman (1999). “The diversity of cadherins and implications for a synaptic adhesive code in the CNS.” *Neuron* 23 (3): 427–430.

- Boudkkazi, S., E. Carlier, N. Ankri, O. Caillard, P. Giraud, L. Fronzaroli-Molinieres and D. Debanne (2007). “Release-dependent variations in synaptic latency: a putative code for short- and long-term synaptic dynamics.” *Neuron* 56 (6): 1048–1060.

- Berretta, N., R. Nisticò, G. Bernardi and N.B. Mercuri (2008). “Synaptic plasticity in the basal ganglia: a similar code for physiological and pathological conditions.” *Prog Neurobiol* 84 (4): 343–362.

- Itzkovitz, S., L. Baruch, E. Shapiro and E. Segal (2008). “Geometric constraints on neuronal connectivity facilitate a concise synaptic adhesive code.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 105 (27): 9278–9283.

- Szabo, G.G. and I. Soltesz (2015). “Pass-Through Code of Synaptic Integration.” *Neuron* 87 (6): 1124–1126.

- Diering, G.H. and R.L. Hugarir (2018). “The AMPA Receptor Code of Synaptic Plasticity.” *Neuron* 100 (2): 314–329.

- Targeting code / код таргетирования

- Santoni, F.A., O. Hartley and J. Luban (2010). “Deciphering the code for retroviral integration target site selection.” *PLoS Comput Biol* 6 (11): e1001008.

- Taste code / вкусовой код

- Di Lorenzo, P.M. (2000). “The neural code for taste in the brain stem: Response profiles.” *Physiology & Behavior* 69 (1): 87–96.

- Di Lorenzo, P.M. and C.H. Lemon (2000). “The neural code for taste in the nucleus of the solitary tract of the rat: effects of adaptation.” *Brain Res* 852 (2): 383–397.

- Bradbury, J. (2004). “Taste perception: cracking the code.” *PloS Biol* 2 (3): E64.

- Hallock, R.M. and P.M. Di Lorenzo (2006). “Temporal coding in the gustatory system.” *Neurosci Biobehav Rev* 30 (8): 1145–1160.

- Escanilla, O.D., A. Hajnal, K. Czaja and P.M. Di Lorenzo (2022). “The Neural Code for Taste in the Nucleus of the Solitary Tract of Rats with Obesity Following Roux-En-Y Gastric Bypass Surgery.” *Nutrients* 14 (19).

- T-cell code / код Т-лимфоцитов

- Boothby, M. (2010). “CRACKing the code without Rosetta: molecular regulation of calcium-stimulated gene transcription after T-cell activation.” *J Immunol* 185 (9): 4969–4971.

- Engelhardt, B. and R.M. Ransohoff (2012). “Capture, crawl, cross: the T-cell code to breach the blood–brain barriers.” *Trends in Immunology* 33 (12): 579–589.
- Engelhardt, B. and R.M. Ransohoff (2012). “Capture, crawl, cross: the T-cell code to breach the blood-brain barriers.” *Trends Immunol* 33 (12): 579–589.
- Harvey, C.J. and K.W. Wucherpfennig (2013). “Cracking the code of human T-cell immunity.” *Nature Biotechnology* 31 (7): 609–610.
- Dustin, M.L. and L.C. Kam (2016). “Tapping out a mechanical code for T-cell triggering.” *J Cell Biol* 213 (5): 501–503.
- Wu, J. and H. Shi (2017). “Unlocking the epigenetic code of T-cell exhaustion.” *Transl Cancer Res* 6 (Suppl 2): S384-s387.
- Temporal codes / временные коды
 - Behar, M. and A. Hoffmann (2010). “Understanding the temporal codes of intra-cellular signals.” *Curr Opin Genet Dev* 20 (6): 684–693.
- Terpene code / код терпена
 - Ignea, C., M.H. Raadam, A. Koutsaviti, Y. Zhao, Y.T. Duan, M. Harizani, K. Miettinen, P. Georgantea, M. Rosenfeldt, S.E. Viejo-Ledesma, M.A. Petersen, W.L. P. Bredie, D. Staerk, V. Roussis, E. Ioannou and S.C. Kampranis (2022). “Expanding the terpene biosynthetic code with non-canonical 16 carbon atom building blocks.” *Nat Commun* 13 (1): 5188.
- Thermal code / термальный код
 - Schingnitz, G. and J. Werner (1980). “Thalamic burst firing- a neuronal code for temperature informations.” *Brain Res* 195 (2): 467–470.
 - Nagel, M. and C.J. Kleineidam (2015). “Two cold-sensitive neurons within one sensillum code for different parameters of the thermal environment in the ant *Camponotus rufipes*.” *Front Behav Neurosci* 9: 240.
- Tight junction code / код плотных контактов
 - Gupta, I.R. and A.K. Ryan (2010). “Claudins: unlocking the code to tight junction function during embryogenesis and in disease.” *Clin Genet* 77 (4): 314–325.
- Tissue code / код ткани
 - Irwin, D. and I.D. Dauphinais (1979). “A tissue-specific code based on the abundance of SDS-solubilized proteins.” *Anal Biochem* 92 (1): 193–198.
- Tissue memory code / код тканевой памяти
 - Berlanga-Acosta, J., M. Fernandez-Mayola, Y. Mendoza-Mari, A. Garcia-Ojalvo, I. Martinez-Jimenez, N. Rodriguez-Rodriguez, D. Garcia Del Barco Herrera and G. Guillén- Nieto (2022). “Cell-Free Filtrates (CFF) as Vectors of a Transmissible Pathologic Tissue Memory Code: A Hypothetical and Narrative Review.” *Int J Mol Sci* 23 (19).
- Toll-like receptor codes / коды толл-подобных рецепторов
 - Cunha, C., L. Romani and A. Carvalho (2010). “Cracking the Toll-like receptor code in fungal infections.” *Expert Rev Anti Infect Ther* 8 (10): 1121–1137.

- Toxin code / код токсина
 - Chen, Z., S. Zakrzewska, H.S. Hajare, A. Alvarez-Buylla, F. Abderemane-Ali, M. Bogan, D. Ramirez, L.A. O'Connell, J. Du Bois and D.L. Minor, Jr. (2022). "Definition of a saxitoxin (STX) binding code enables discovery and characterization of the anuran saxiphilin family." *Proc Natl Acad Sci U S A* 119 (44): e2210114119.
- Toxin resistance code / код токсикорезистентности
 - Tabashnik, B.E. (2001). "Breaking the code of resistance." *Nat Biotechnol* 19 (10): 922–924.
- Transcription factor code / код факторов транскрипции
 - Jessell, T.M. (2000). "Neuronal specification in the spinal cord: inductive signals and transcriptional codes." *Nature Reviews Genetics* 1 (1): 20–29.
 - Kobayashi, A., H. Yamagiwa, H. Hoshino, A. Muto, K. Sato, M. Morita, N. Hayashi, M. Yamamoto and K. Igarashi (2000). "A combinatorial code for gene expression generated by transcription factor Bach2 and MAZR (MAZ-related factor) through the BTB/POZ domain." *Mol Cell Biol* 20 (5): 1733–1746.
 - Marquardt, T. and S.L. Pfaff (2001). "Cracking the Transcriptional Code for Cell Specification in the Neural Tube." *Cell* 106 (6): 651–654.
 - Allan, D.W., S.E. St Pierre, I. Miguel-Aliaga and S. Thor (2003). "Specification of neuropeptide cell identity by the integration of retrograde BMP signaling and a combinatorial transcription factor code." *Cell* 113 (1): 73–86.
 - Ness, S.A. (2003). "Myb protein specificity: evidence of a context-specific transcription factor code." *Blood Cells Mol Dis* 31 (2): 192–200.
 - Okamura, H., K. Yokoyama, H. Koike, M. Yamada, A. Shimowasa, M. Kabasawa, T. Kawashima and M. Suzuki (2007). "A structural code for discriminating between transcription signals revealed by the feast/famine regulatory protein DM1 in complex with ligands." *Structure* 15 (10): 1325–1338.
 - Rothbacher, U., V. Bertrand, C. Lamy and P. Lemaire (2007). "A combinatorial code of maternal GATA, Ets and beta-catenin-TCF transcription factors specifies and patterns the early ascidian ectoderm." *Development* 134 (22): 4023–4032.
 - Bhati, M., C. Lee, A.L. Nancarrow, M. Lee, V.J. Craig, I. Bach, J.M. Guss, J.P. Mackay and J.M. Matthews (2008). "Implementing the LIM code: the structural basis for cell type-specific assembly of LIM-homeodomain complexes." *Embo j* 27 (14): 2018–2029.
 - Hochstim, C., B. Deneen, A. Lukaszewicz, Q. Zhou and D.J. Anderson (2008). "Identification of positionally distinct astrocyte subtypes whose identities are specified by a homeodomain code." *Cell* 133 (3): 510–522.
 - Pimanda, J.E., W.Y. Chan, N.K. Wilson, A.M. Smith, S. Kinston, K. Knezevic, M.E. Janes, J.R. Landry, A. Kolb-Kokocinski, J. Frampton, D. Tannahill, K. Ottersbach, G.A. Follows, G. Lacaud, V. Kouskoff and B. Göttgens (2008). "Endoglin expression in blood and endothelium is

differentially regulated by modular assembly of the Ets/Gata hemangioblast code.” *Blood* 112 (12): 4512–4522.

○ Megraw, M., F. Pereira, S.T. Jensen, U. Ohler and A.G. Hatzigeorgiou (2009). “A transcription factor affinity-based code for mammalian transcription initiation.” *Genome Res* 19 (4): 644–656.

○ Pearson, J.C., M.T. Juarez, M. Kim, Drivenes and W. McGinnis (2009). “Multiple transcription factor codes activate epidermal wound-response genes in *Drosophila*.” *Proceedings of the National Academy of Sciences* 106 (7): 2224–2229.

○ Kowenz-Leutz, E., O. Pless, G. Dittmar, M. Knoblich and A. Leutz (2010). “Crosstalk between C/EBPbeta phosphorylation, arginine methylation, and SWI/SNF/Mediator implies an indexing transcription factor code.” *Embo j* 29 (6): 1105–1115.

○ Sevvana, M., C. Goetz, D. Goeke, C. Wimmer, C. Berens, W. Hillen and Y.A. Muller (2012). “An exclusive α/β code directs allostery in TetR-peptide complexes.” *J Mol Biol* 416 (1): 46–56.

○ Aranguren, X.L., X. Agirre, M. Beerens, G. Coppiello, M. Uriz, I. Vandersmissen, M. Benkheil, J. Panadero, N. Aguado, A. Pascual-Montano, V. Segura, F. Prósper and A. Luttun (2013). “Unraveling a novel transcription factor code determining the human arterial-specific endothelial cell signature.” *Blood* 122 (24): 3982–3992.

○ Del Barrio, M.G., S. Bourane, K. Grossmann, R. Schüle, S. Britsch, D.D. O’Leary and M. Goulding (2013). “A transcription factor code defines nine sensory interneuron subtypes in the mechanosensory area of the spinal cord.” *PLoS One* 8 (11): e77928.

○ Dubois, L., J.L. Frendo, H. Chanut-Delalande, M. Crozatier and A. Vincent (2016). “Genetic dissection of the Transcription Factor code controlling serial specification of muscle identities in *Drosophila*.” *Elife* 5.

○ Guo, X., C. Yin, F. Yang, Y. Zhang, H. Huang, J. Wang, B. Deng, T. Cai, Y. Rao and R. Xi (2019). “The Cellular Diversity and Transcription Factor Code of *Drosophila* Enteroendocrine Cells.” *Cell Rep* 29 (12): 4172–4185. e4175.

○ Hörmann, N., T. Schilling, A.H. Ali, E. Serbe, C. Mayer, A. Borst and J. Pujol-Martí (2020). “A combinatorial code of transcription factors specifies subtypes of visual motion-sensing neurons in *Drosophila*.” *Development* 147 (9).

○ Deng, W., E.C. Jacobson, A.J. Collier and K. Plath (2021). “The transcription factor code in iPSC reprogramming.” *Curr Opin Genet Dev* 70: 89–96.

○ Torcal Garcia, G. and T. Graf (2021). “The transcription factor code: a beacon for histone methyltransferase docking.” *Trends Cell Biol* 31 (10): 792–800.

○ Trerotola, M., L. Antolini, L. Beni, E. Guerra, M. Spadaccini, D. Verzulli, A. Moschella and S. Alberti (2022). “A deterministic code for transcription factor-DNA recognition through computation of binding interfaces.” *NAR Genom Bioinform* 4 (1): lqac008.

- Transcriptional codes / коды транскрипции
 - Beato, M. (1985). “Modulation of gene expression through DNA-binding proteins: is there a regulatory code?” *Haematol Blood Transfus* 29: 217–223.
 - Harbison, C.T., D.B. Gordon, T.I. Lee, N.J. Rinaldi, K.D. Macisaac, T.W. Danford, N.M. Hannett, J.B. Tagne, D.B. Reynolds, J. Yoo, E.G. Jennings, J. Zeitlinger, D.K. Pokholok, M. Kellis, P.A. Rolfe, K.T. Takusagawa, E.S. Lander, D.K. Gifford, E. Fraenkel and R.A. Young (2004). “Transcriptional regulatory code of a eukaryotic genome.” *Nature* 431 (7004): 99–104.
 - Markstein, M., R. Zinzen, P. Markstein, K.P. Yee, A. Erives, A. Stathopoulos and M. Levine (2004). “A regulatory code for neurogenic gene expression in the *Drosophila* embryo.” *Development* 131 (10): 2387–2394.
 - Barrera, L.O. and B. Ren (2006). “The transcriptional regulatory code of eukaryotic cells—insights from genome-wide analysis of chromatin organization and transcription factor binding.” *Curr Opin Cell Biol* 18 (3): 291–298.
 - Flames, N., R. Pla, D.M. Gelman, J.L. Rubenstein, L. Puelles and O. Marín (2007). “Delineation of multiple subpallial progenitor domains by the combinatorial expression of transcriptional codes.” *J Neurosci* 27 (36): 9682–9695.
 - Gillespie, M.N. and G.L. Wilson (2007). “Bending and breaking the code: dynamic changes in promoter integrity may underlie a new mechanism regulating gene expression.” *Am J Physiol Lung Cell Mol Physiol* 292 (1): L1–3.
 - Walther, D., R. Brunnemann and J. Selbig (2007). “The regulatory code for transcriptional response diversity and its relation to genome structural properties in *A. thaliana*.” *PLoS Genet* 3 (2): e11.
 - Frith, M.C., E. Valen, A. Krogh, Y. Hayashizaki, P. Carninci and A. Sandelin (2008). “A code for transcription initiation in mammalian genomes.” *Genome Res* 18 (1): 1–12.
 - Stark, A. (2009). “Learning the transcriptional regulatory code.” *Mol Syst Biol* 5: 329.
 - Fakhouri, W.D., A. Ay, R. Sayal, J. Dresch, E. Dayringer and D.N. Arnosti (2010). “Deciphering a transcriptional regulatory code: modeling short-range repression in the *Drosophila* embryo.” *Mol Syst Biol* 6: 341.
 - Ford, E. and D. Thanos (2010). “The transcriptional code of human IFN-beta gene expression.” *Biochim Biophys Acta* 1799 (3–4): 328–336.
 - Kulakovskiy, I.V., A.A. Belostotsky, A.S. Kasianov, N.G. Esipova, Y.A. Medvedeva, I.A. Eliseeva and V.J. Makeev (2011). “A deeper look into transcription regulatory code by preferred pair distance templates for transcription factor binding sites.” *Bioinformatics* 27 (19): 2621–2624.
 - Batut, P.J. and T.R. Gingeras (2017). “Conserved noncoding transcription and core promoter regulatory code in early *Drosophila* development.” *Elife* 6.
 - Ezer, D., S.J. K. Shepherd, A. Brestovitsky, P. Dickinson, S. Cortijo, V. Charoensawan, M.S. Box, S. Biswas, K.E. Jaeger and P.A. Wigge (2017).

- “The G-Box Transcriptional Regulatory Code in Arabidopsis.” *Plant Physiol* 175 (2): 628–640.
- Cohen, E., Z. Zafrir and T. Tuller (2018). “A code for transcription elongation speed.” *RNA Biol* 15 (1): 81–94.
 - Zrimec, J., F. Buric, M. Kokina, V. Garcia and A. Zelezniak (2021). “Learning the Regulatory Code of Gene Expression.” *Front Mol Biosci* 8: 673363.
 - Translation code / код трансляции
 - Ito, K., L. Frolova, A. Seit-Nebi, A. Karamyshev, L. Kisselev and Y. Nakamura (2002). “Omnipotent decoding potential resides in eukaryotic translation termination factor eRF1 of variant-code organisms and is modulated by the interactions of amino acid sequences within domain 1.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 99 (13): 8494–8499.
 - Piqué, M., J.M. López, S. Foissac, R. Guigó and R. Méndez (2008). “A combinatorial code for CPE-mediated translational control.” *Cell* 132 (3): 434–448.
 - Richter, J.D. (2008). “Breaking the code of polyadenylation-induced translation.” *Cell* 132 (3): 335–337.
 - Dai, X.X., J.C. Jiang, Q.Q. Sha, Y. Jiang, X.H. Ou and H.Y. Fan (2019). “A combinatorial code for mRNA 3'-UTR-mediated translational control in the mouse oocyte.” *Nucleic Acids Res* 47 (1): 328–340.
 - Burke, P.C., H. Park and A.R. Subramaniam (2022). “A nascent peptide code for translational control of mRNA stability in human cells.” *Nat Commun* 13 (1): 6829.
 - Translocation code / код транслокации
 - Shental-Bechor, D., S.J. Fleishman and N. Ben-Tal (2006). “Has the code for protein translocation been broken?” *Trends Biochem Sci* 31 (4): 192–196.
 - Nilsson, I., P. Lara, T. Hessa, A.E. Johnson, G. von Heijne and A.L. Karamyshev (2015). “The code for directing proteins for translocation across ER membrane: SRP cotranslationally recognizes specific features of a signal sequence.” *J Mol Biol* 427 (6 Pt A): 1191–1201.
 - Hoernes, T.P., N. Clementi, K. Faserl, H. Glasner, K. Breuker, H. Lindner, A. Hüttenhofer and M.D. Erlacher (2016). “Nucleotide modifications within bacterial messenger RNAs regulate their translation and are able to rewire the genetic code.” *Nucleic Acids Res* 44 (2): 852–862.
 - Transport codes / транспортный код
 - Zhu, J., B. Gomez, I. Watanabe and W.B. Thornhill (2005). “Amino acids in the pore region of Kv1 potassium channels dictate cell-surface protein levels: a possible trafficking code in the Kv1 subfamily.” *Biochem J* 388 (Pt 1): 355–362.
 - Marelli-Berg, F.M., L. Cannella, F. Dazzi and V. Mirenda (2008). “The highway code of T cell trafficking.” *J Pathol* 214 (2): 179–189.

- Roy, G., E.M. Chalfin, A. Saxena and X. Wang (2010). “Interplay between ER exit code and domain conformation in CFTR misprocessing and rescue.” *Mol Biol Cell* 21 (4): 597–609.
- Drepper, C. and M. Sendtner (2011). “A new postal code for dendritic mRNA transport in neurons.” *EMBO Rep* 12 (7): 614–616.
- Muslimov, I.A., M.V. Patel, A. Rose and H. Tiedge (2011). “Spatial code recognition in neuronal RNA targeting: role of RNA-hnRNP A2 interactions.” *J Cell Biol* 194 (3): 441–457.
- Ellis, B.E. (2012). “Postal code for a plant MAPK.” *Biochem J* 446(2): e5–7.
- Carambia, A. and J. Herkel (2014). “Deciphering the highway code for lymphocyte traffic along the gut – liver axis.” *J Hepatol* 60 (6): 1110–1111.
- Lecona, E. and O. Fernandez-Capetillo (2016). “A SUMO and ubiquitin code coordinates protein traffic at replication factories.” *Bioessays* 38 (12): 1209–1217.
- Nie, C., H. Wang, R. Wang, D. Ginsburg and X.W. Chen (2018). “Dimeric sorting code for concentrative cargo selection by the COPII coat.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 115 (14): E3155–e3162.
- Paolillo, M., S. Comincini and S. Schinelli (2021). “Fostering ‘Education’: Do Extracellular Vesicles Exploit Their Own Delivery Code?” *Cells* 10 (7).
 - Trans-regulatory code / транс-регуляторный код
 - Beccari, L., R. Marco-Ferreres, N. Tabanera, A. Manfredi, M. Souren, B. Wittbrodt, I. Conte, J. Wittbrodt and P. Bovolenta (2015). “A trans-Regulatory Code for the Forebrain Expression of Six3.2 in the Medaka Fish.” *J Biol Chem* 290 (45): 26927–26942.
 - Tubulin code / код тубулина
 - Verhey, K.J. and J. Gaertig (2007). “The tubulin code.” *Cell Cycle* 6 (17): 2152–2160.
 - Yu, I., C.P. Garnham and A. Roll-Mecak (2015). “Writing and Reading the Tubulin Code.” *J Biol Chem* 290 (28): 17163–17172.
 - Barisic, M. and H. Maiato (2016). “The Tubulin Code: A Navigation System for Chromosomes during Mitosis.” *Trends Cell Biol* 26 (10): 766–775.
 - Chakraborti, S., K. Natarajan, J. Curiel, C. Janke and J. Liu (2016). “The emerging role of the tubulin code: From the tubulin molecule to neuronal function and disease.” *Cytoskeleton (Hoboken)* 73 (10): 521–550.
 - Gadadhar, S., S. Bodakuntla, K. Natarajan and C. Janke (2017). “The tubulin code at a glance.” *J Cell Sci* 130 (8): 1347–1353.
 - Amargant, F., M. Barragan, R. Vassena and I. Vernos (2019). “Insights of the tubulin code in gametes and embryos: from basic research to potential clinical applications in humans.” *Biol Reprod* 100 (3): 575–589.
 - Roll-Mecak, A. (2020). “The Tubulin Code in Microtubule Dynamics and Information Encoding.” *Dev Cell* 54 (1): 7–20.

- Lopes, D. and H. Maiato (2020). “The Tubulin Code in Mitosis and Cancer.” *Cells* 9 (11).
- Akella, J.S. and M.M. Barr (2021). “The tubulin code specializes neuronal cilia for extracellular vesicle release.” *Dev Neurobiol* 81 (3): 231–252.
- Müller, M., L. Gorek, N. Kamm and R. Jacob (2022). “Manipulation of the Tubulin Code Alters Directional Cell Migration and Ciliogenesis.” *Front Cell Dev Biol* 10: 901999.
- Gadadhar, S., T. Hirschmugl and C. Janke (2022). “The tubulin code in mammalian sperm development and function.” *Semin Cell Dev Biol*.
- Ferreira, L.T., A.C. Figueiredo, B. Orr, D. Lopes and H. Maiato (2018). “Dissecting the role of the tubulin code in mitosis.” *Methods Cell Biol* 144: 33–74.
- Magiera, M.M. (2022). “The tubulin code: Empowering microtubules.” *Semin Cell Dev Biol*. S1084–9521(22) 00250–6.
- Wethekam, L.C. and J.K. Moore (2022). “Microtubule cytoskeleton: Revealing new readers of the tubulin code.” *Curr Biol* 32 (18): R960-r962.
 - Twist box code / твист-бокс код
- Piccinin, S., E. Tonin, S. Sessa, S. Demontis, S. Rossi, L. Pecciarini, L. Zanatta, F. Pivetta, A. Grizzo, M. Sonogo, C. Rosano, A.P. Dei Tos, C. Doglioni and R. Maestro (2012). “A ‘twist box’ code of p53 inactivation: twist box: p53 interaction promotes p53 degradation.” *Cancer Cell* 22 (3): 404–415.
 - Ubiquitin code / код убиквитина
- Lauwers, E., Z. Ergarazoglou, R. Haguenaer-Tsapis and B. André (2010). “The ubiquitin code of yeast permease trafficking.” *Trends Cell Biol* 20 (4): 196–204.
- Trempe, J.F. (2011). “Reading the ubiquitin postal code.” *Curr Opin Struct Biol* 21 (6): 792–801.
- Komander, D. and M. Rape (2012). “The ubiquitin code.” *Annu Rev Biochem* 81: 203–229.
- Williamson, A., A. Werner and M. Rape (2013). “The Colossus of ubiquitylation: decrypting a cellular code.” *Mol Cell* 49 (4): 591–600.
- Heride, C., S. Urbé and M.J. Clague (2014). “Ubiquitin code assembly and disassembly.” *Curr Biol* 24 (6): R215–220.
- Stanley, M. and S. Virdee (2016). “Chemical ubiquitination for decrypting a cellular code.” *Biochem J* 473 (10): 1297–1314.
- Kwon, Y.T. and A. Ciechanover (2017). “The Ubiquitin Code in the Ubiquitin-Proteasome System and Autophagy.” *Trends Biochem Sci* 42 (11): 873–886.
- Mattern, M., J. Sutherland, K. Kadimisetty, R. Barrio and M.S. Rodriguez (2019). “Using Ubiquitin Binders to Decipher the Ubiquitin Code.” *Trends Biochem Sci* 44 (7): 599–615.
- Sewduth, R.N., M.F. Baietti and A.A. Sablina (2020). “Cracking the Monoubiquitin Code of Genetic Diseases.” *Int J Mol Sci* 21 (9).

- Orosa-Puente, B. and S.H. Spoel (2022). “Harnessing the ubiquitin code to respond to environmental cues.” *Essays Biochem* 66 (2): 111–121.
 - Visual code / визуальный код
- Kovács-Öller, T., K. Dedek and D. Hillier (2022). “Editorial: Visual code: From the retina to the brain.” *Front Cell Neurosci* 16: 1018229.
 - Wnt code / код сигнального пути Wnt
- Guder, C., I. Philipp, T. Lengfeld, H. Watanabe, B. Hobmayer and T.W. Holstein (2006). “The Wnt code: cnidarians signal the way.” *Oncogene* 25 (57): 7450–7460.
 - Wobbling code / код уобблинга
- Alkatib, S., L.B. Scharff, M. Rogalski, T.T. Fleischmann, A. Matthes, S. Seeger, M.A. Schöttler, S. Ruf and R. Bock (2012). “The contributions of wobbling and superwobbling to the reading of the genetic code.” *PLoS Genet* 8(11): e1003076.
 - Word code / словесный код
- Hannagan, T., A. Agrawal, L. Cohen and S. Dehaene (2021). “Emergence of a compositional neural code for written words: Recycling of a convolutional neural network for reading.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 118 (46).
 - Zip code / код адресации (зипкод)
- O'Brate, A. and P. Giannakakou (2003). “The importance of p53 location: nuclear or cytoplasmic zip code?” *Drug Resist Updat* 6 (6): 313–322.
- Conley, M.P., M.K. Jang, J.A. DeGiorgis and E.L. Bearer (2004). “Anterograde Transport of Peptide-Conjugated Fluorescent Beads in the Squid Giant Axon Identifies a Zip-Code for the Synapse.” *Biol Bull* 207 (2): 164.
- Satpute-Krishnan, P., J.A. DeGiorgis, M.P. Conley, M. Jang and E.L. Bearer (2006). “A peptide zipcode sufficient for anterograde transport within amyloid precursor protein.” *Proc Natl Acad Sci U S A* 103 (44): 16532–16537.
- Ahmed, S., D.G. Brickner, W.H. Light, I. Cajigas, M. McDonough, A.B. Froysheter, T. Volpe and J.H. Brickner (2010). “DNA zip codes control an ancient mechanism for gene targeting to the nuclear periphery.” *Nat Cell Biol* 12 (2): 111–118.
- Light, W.H., D.G. Brickner, V.R. Brand and J.H. Brickner (2010). “Interaction of a DNA zip code with the nuclear pore complex promotes H2 A.Z incorporation and INO1 transcriptional memory.” *Mol Cell* 40 (1): 112–125.
- Brickner, D.G., S. Ahmed, L. Meldi, A. Thompson, W. Light, M. Young, T.L. Hickman, F. Chu, E. Fabre and J.H. Brickner (2012). “Transcription factor binding to a DNA zip code controls interchromosomal clustering at the nuclear periphery.” *Dev Cell* 22 (6): 1234–1246.
- Langford-Smith, A., T.D. Keenan, S.J. Clark, P.N. Bishop and A.J. Day (2014). “The role of complement in age-related macular degeneration: heparan sulphate, a ZIP code for complement factor H?” *J Innate Immun* 6 (4): 407–416.

- Das, S., S. Biswas, S. Chaudhuri, A. Bhattacharyya and B. Das (2019). “A Nuclear Zip Code in SKS1 mRNA Promotes Its Slow Export, Nuclear Retention, and Degradation by the Nuclear Exosome/DRN in *Saccharomyces cerevisiae*.” *J Mol Biol* 431 (19): 3626–3646.
- Chaudhuri, A., S. Das and B. Das (2020). “Localization elements and zip codes in the intracellular transport and localization of messenger RNAs in *Saccharomyces cerevisiae*.” *WIREs RNA* 11 (4): e1591.
- Bisio, H., R.B. Chaabene, R. Sabitzki, B. Maco, J.B. Marq, T.W. Gilberger, T. Spielmann and D. Soldati-Favre (2020). “The ZIP Code of Vesicle Trafficking in Apicomplexa: SEC1/Munc18 and SNARE Proteins.” *mBio* 11 (5).
- S Mogre, S., A.I. Brown and E.F. Koslover (2020). “Getting around the cell: physical transport in the intracellular world.” *Physical Biology* 17 (6): 061003.

Robert Prinz¹

Code Biology Database – A List of Biological Codes

For citation: Prinz, R. (2022). Code Biology Database – A List of Biological Codes. *METHOD: Moscow Quarterly Journal of Social Studies*, 2 (4), P. 22–100. <http://www.doi.org/10.31249/metodquarterly/02.04.02>

¹ **Robert Prinz**, Rechenkraft.net e.V., Marburg, Germany, e-mail: robert-prinz@web.de

Чебанов С.В.¹

Биологические коды, перевод и биоценозы²

Аннотация. Шагами на пути к кодовой биологии были открытие рефлексов нервной системы, выявление знаков в поведении животных, открытие генетического кода и признание его универсальности, обнаружение и осознание многообразия семиотических явлений, связанных с биологическими организмами. В итоге можно говорить о сопоставимости биоценозов с культурами. И те и другие характеризуются присутствием множества кодов, с помощью которых создаются взаимнонепереводимые сообщения, которые тем не менее все время переводятся. Возникающая при этом неэквивалентность сообщений порождает новизну, обеспечивающую исторические изменения.

Ключевые слова: кодовая биология; рефлексология; этология; генетический код; семантика в биологии; самочитаемый текст; биоценоз; культура; перевод непереводимого; экосемиотика.

Для цитирования: Чебанов С.В. Биологические коды, перевод и биоценозы // МЕТОД : московский ежеквартальник трудов из обществоведческих дисциплин: ежеквартал. науч. изд. / под ред. М.В. Ильина ; ИНИОН РАН, центр перспект. методологий соц.-гуманит. исследований. – М., 2022. – Вып. 12. – Т. 2, № 4. – С. 101–104. – URL: <http://www.doi.org/10.31249/metodquarterly/02.04.03>

Важнейшими событиями становления «кодовой биологии» (Code Biology в трактовке М. Барбиери – [Barbieri, 2015]) было открытие знаковости в нервной деятельности животных (конец XIX – начало XX в.: рефлексология И.М. Сеченова, И.П. Павлова, Ч.С. Шерингтона), осознание ее значимости для этологии (первая половина XX в. – К. Лоренц, Н. Тинберген, К. фон Фриш, Я. фон Иксюль), открытие генетического кода и установление его универсальности для всего живого (1950–1960-е годы), выявление многообразия семиотических средств живых организмов (вторая половина XX в.) и осознание множественности биологических кодов (начало XXI в.). В итоге изгнанная во время борьбы с антропоморфизмом семантика вернулась в биологию.

¹ **Чебанов Сергей Викторович**, доктор филологических наук, профессор кафедры математической лингвистики филологического факультета, Санкт-Петербургский государственный университет, e-mail: s.chebanov@gmail.com, s.chebanov@spbu.ru

² Исследование выполнено за счет гранта РНФ 22-18-00383 «Междисциплинарные методологические исследования расширенного эволюционного синтеза в науках о жизни и обществе».

© Чебанов С.В., 2022

Важным обстоятельством при этом было осознание того, что организм – это не знак, а самочитаемый текст (self-reading text – [Kull, 1998]). Однако смысл и образ существования множества биологических кодов остаются непроясненными.

В связи с этим есть основания обратить внимание на то, что организмы существуют не изолированно и даже не как популяции одного вида, а как многовидовые биоценозы. В свою очередь биоценозы сопоставимы с культурами. В обсуждаемом контексте весьма примечательна семиотическая интерпретация природы культуры Ю.М. Лотмана [Тезисы..., 1973; Лотман, 2000]. Суть ее заключается в следующем.

Каждая культура представляет собой единство множества сосуществующих семиотических систем. Эти семиотические системы взаимно непереводимы. Тем не менее постоянно осуществляется перевод с языка одной семиотической системы на язык другой. Поскольку эти семиотические системы непереводимы, получаемый перевод оказывается в той или иной степени неэквивалентным. Именно эта неэквивалентность является источником новаций, обеспечивающих развитие культуры.

В рассматриваемом аспекте сопоставления культуры и биоценоза указанное понимание Лотманом природы культуры позволяет понять и необходимость множества семиотических систем, свойственных биоценозам организмов. Тогда биоценоз, как и культура, выступает как множество семиотических систем – как эндосемиотических [Sebeok, 1976], функционирующих внутри организма (генетический код, гормоны, в том числе тканевые, нейротрансмиттеры, факторы иммунитета), так и экзосемиотических – между организмами (запаховая, феромонная, цветовая, звуковая, жестовая, позовая, поведенческая коммуникация; ср. представление об экологическом коде – [Левич, 1983]).

При этом постоянно имеет место перевод текстов, созданных с помощью одного кода, в тексты, созданные с помощью другого кода (например, геномов, как текстов, созданных посредством генетического кода, в клеточный метаболизм, созданный посредством биосинтетического кода, – biosynthetic code – [Принц, 2022]; и т.п.). Такой перевод заведомо неоднозначен, а значит, и неэквивалентен, так как зависит от предшествующей истории клетки, ее функционального состояния, состояния всего организма, условий окружающей среды и т.д. Однако такая неэквивалентность может обеспечивать адекватность – оптимальность перевода для текущего состояния организма.

На основе развиваемой точки зрения могут рассматриваться самые разные процессы – эпигенез и его неполная детерминированность геномом, состояние биоценоза и его не одно-однозначная связь с составом слагающих его организмов (учитывая виды-двойники, малочисленные и заносные виды), разные варианты протекания сукцессий однотипных биоценозов и т.д. Таким образом можно развивать экосемиотику как общеэкологическую концепцию, которая будет включать в себя и экосемио-

тику в трактовке тартуских биосемиотиков [Jakob von Uexküll Centre, 2006], в которой, по сути, рассматриваются только антропогенные биоценозы (культурные ландшафты) [Каганский, 2001]; ср.: [Kull, Torop, 2003]).

Список литературы

- Тезисы к семиотическому изучению культур (в применении к славянским текстам) / Иванов В.В., Лотман Ю.М., Пятигорский А.М., Топоров В.Н., Успенский Б.А. // *Semiotyka I struktura tekstu.* – Wrocław : Wydawnictwo Polskiej Akademii Nauk, 1973. – P. 9–32.
- Каганский В.Л. Культурный ландшафт и советское обитаемое пространство. – Москва : НЛЮ, 2001. – 576 с.
- Левич А.П. Семиотические структуры в экологии, или существует ли экологический код? // *Человек и биосфера.* – Москва : Изд-во Моск. ун-та, 1983. – Вып. 8. – С. 68–77.
- Лотман Ю.М. Семиосфера. – Санкт-Петербург : Искусство-СПб, 2000. – 703 с.
- Принц Р. База данных кодов в биологии – список биологических кодов // *Наст. изд.*
- Тезисы к семиотическому изучению культур (в применении к славянским текстам) / Иванов В.В., Лотман Ю.М., Пятигорский А.М., Топоров В.Н., Успенский Б.А. // *Semiotyka I struktura tekstu.* – Wrocław : Wydawnictwo Polskiej Akademii Nauk, 1973. – P. 9–32.
- Barbieri M. *Code Biology. A New Science of Life.* – Dordrecht : Springer, 2015. – 224 с.
- Kull K. Organism as a self-reading text: anticipation and semiosis // *International Journal of Computing Anticipatory Systems.* – 1998. – N 1. – P. 93–104.
- Kull K., Torop P. Biotranslation: translation between umwelten // *Translation Translation / Petrilli S. (ed.).* – Amsterdam ; New York : Rodopi, 2003. – P. 313–328.
- Jakob von Uexküll Centre, since 1993 / Magnus R., Maran T., Kull K. (ed.) // *Sign Systems Studies.* – 2006. – N 34 (1). – P. 67–81.
- Magnus R., Maran T., Kull K. Jakob von Uexküll Centre, since 1993 // *Sign Systems Studies.* – 2006. – N 34 (1). – P. 67–81.
- Sebeok Th.A. *Contributions to the Doctrine of Signs.* – Bloomington : Indiana University Press, 1976. – 271 p.

Sergey Chebanov¹

Biological Codes, Translation, and Biocenoses

Abstract. Steps on the way to code biology were the discovery of reflexes of the nervous system, identification of signs in animal behavior, discovery of the genetic code and realization of its universality, discovery and realization of the diversity of semiotic phenomena associated with biological organisms. As a result, we can talk about the comparability of biocenoses with cultures. Both are characterized by the presence of a multitude of codes, with the help of which mutually untranslatable messages are created, which, nevertheless, are translated all the time. The resulting non-equivalence of messages generates newness, which provides historical changes.

Keywords: code biology; reflexology; ethology; genetic code; semantics in biology; self-readable text; biocenosis; culture; translation of the untranslatable; ecosemiotics.

¹ **Sergey Chebanov**, St. Petersburg State University, e-mail: s.chebanov@gmail.com, s.chebanov@spbu.ru

For citation: Chebanov S. (2022). Biological Codes, Translation, and Biocenoses
METHOD: Moscow Quarterly Journal of Social Studies, 2 (4), P. 101–104.
<http://www.doi.org/10.31249/metodquarterly/02.04.03>

References

- Barbieri M. (2015). *Code Biology. A New Science of Life*. Dordrecht, Springer.
- Ivanov V.V., Lotman Yu.M., Pjatigorskij A.M., Toporov V.N. Uspenskij B.A. (1973). Tezisy k semioticheskomu izucheniju kul'tur (v primenenii k slavjanskim tekstam). *Semiotyka I struktura tekstu*, 9–32. Wroclaw: Wydawnictwo Polskijei Akademii Nauk.
- Kaganskij V.L. (2001). *Kul'turnyj landshaft i sovetskoe obitaemoe prostranstvo*. M., NLO.
- Kull K. (1998). Organism as a self-reading text: Anticipation and semiosis. *International Journal of Computing Anticipatory Systems*, 1, 93–104.
- Kull K., Torop P. (2003). Biotranslation: Translation between umwelten. In Petrilli S. (ed.). *Translation Translation (pp. 313–328)*. Amsterdam. New York, Rodopi.
- Levich A.P. (1983). Semioticheskie struktury v jekologii, ili sushhestvuet li jekologicheskij kod? *Chelovek i biosfera*, 8, 68–77. M.: Izd-vo Mosk. un-ta.
- Lotman Yu.M. (2000). *Semiosfera*. SPb, Iskusstvo-SPB.
- Magnus R., Maran T., Kull K. (2006). Jakob von Uexküll Centre, since 1993. *Sign Systems Studies*, 34 (1), 67–81.
- Prinz R. (2022). Code Biology Database – A List of Biological Codes // Nat. ed. (In Russ.)

КАК МОЛЕКУЛЫ СТАЛИ ЗНАКАМИ, ПОСЛАНИЯМИ И ДИСКУРСАМИ

DOI: 10.31249/metodquarterly/02.04.05

Фомин И.В.¹

О рубрике

Для цитирования: Фомин И. О рубрике [«Как молекулы стали знаками, посланиями и дискурсами»] // МЕТОД : московский ежеквартальник трудов из обществоведческих дисциплин: ежеквартал. науч. изд. / под ред. М.В. Ильина ; ИНИОН РАН, центр перспект. методологий соц.-гуманит. исследований. – М., 2022. – Вып. 12. – Т. 2, № 4. – С. 105–108. – URL: <http://www.doi.org/10.31249/metodquarterly/02.04.05>

На страницах МЕТОДа мы уже не в первый раз обращаемся к обсуждению проблемы происхождения жизни и семиозиса. В прошлогоднем выпуске ежегодника, который был посвящен феномену эволюции и развитию эволюционных теорий, в своей статье «Движущие силы эволюции» о происхождении агентивности рассуждал Михаил Ильин [Ильин, 2021]. За год до этого, в 10-м выпуске МЕТОДа, мы публиковали исследование Марка Фэроу [Фэроу, 2020] об эмергенции субъектности и статью Ивана Фомина [Фомин, 2020] об объяснениях возникновения субъектности в теориях эмергентной динамики.

Продолжая традицию, в этом выпуске мы вновь публикуем серию материалов, посвященных проблемам возникновения знаков и агентов. На этот раз мы ставим перед собой задачу не только предоставить площадку для новейших публикаций на эту тему, но и показать саму эту область исследований в развитии. Мы также хотим ознакомить русскоязычных читателей с актуальной полемикой, разворачивающейся в этой сфере. Именно таким подходом продиктован подбор материалов, вошедших в эту часть выпуска.

Рубрику открывает реферат [Свирчевский, 2022] опубликованного в 1969 г. доклада Говарда Патти «Как молекула стала сообщением?» [Pattee, 1968]. В заглавии этого доклада Патти формулирует вопрос, который стал

¹ **Фомин Иван Владленович**, кандидат политических наук, участник проекта «Междисциплинарные методологические основания расширенного эволюционного синтеза в науках о жизни и обществе» на базе ИНИОН РАН, e-mail: fomin.i@gmail.com

центральным для целого направления биосемиотических и теоретико-биологических исследований, фокусирующихся на проблемах возникновения в живых организмах коммуникации как чего-то, что отлично от обычных физических взаимодействий [Umerez, 2009]. Патти указывает, что для того, чтобы на фундаментальном уровне понять, как устроена коммуникация, необходимо разобраться в том, как вообще могли возникнуть простейшие взаимодействия, которые можно было бы считать коммуникативными. При этом Патти отмечает, что едва ли первые сообщения появились в генетическом коде, который мы находим у современных нам организмов. Простейшие сообщения, как он предполагает, возникли в первобытном «экосистемном языке», из которого уже позднее возник генетический код.

Второй материал рубрики – это реферат [Остапенко, 2022] гораздо более недавней публикации Терренса Дикона, которая вышла в 2021 г. [Deacon, 2021]. Даже на уровне заголовка – «Как молекулы стали знаками?» – статья Дикона продолжает дискуссию, начало которой было положено в работах Патти. Как и Патти, Дикон ставит под сомнение идею о том, что биологическая информация возникает благодаря генетическому коду, воспроизводящемуся на основе ДНК и РНК. Вместо этого он утверждает, что вирусы и клетки приспособили молекулы ДНК и РНК для воспроизводства динамических функциональных ограничений, носителями которых эти организмы были и до этого. Минимальные же условия для того, чтобы молекула стала носителем информации, Дикон описывает посредством модели простейшего *аутогена*, подобного непаразитическому вирусу. Такой минимальный аутоген возникает, по Дикону, из сопряжения двух комплементарных процессов – процесса взаимного катализа и процесса кристаллизации вирусных капсул.

Рубрику продолжает статья Джереми Шермана [Шерман, 2022]. Беря за образец наработки Дикона, Шерман формулирует ряд методологических принципов, которыми предлагает руководствоваться при ответе на вопрос о том, как из явлений исключительно физического характера могли возникнуть живые существа, способные совершать *функциональное интерпретативное усилие*. Программа Шермана состоит в том, чтобы попытаться сформировать методологию, которая была бы основана на принципах эмергентности и эргодинамичности. Иными словами, речь идет о том, чтобы попытаться избежать теорий, которые постулируют, что мир информации и семиозиса не вырастает из мира химических процессов и механической работы, а существует в отрыве от него.

В полемику с Джереми Шерманом вступает Алексей Шаров [Шаров, 2022], который в своем отклике на материалы рубрики указывает, что редукция жизни семиотических агентов к физике «представляется нецелесообразной», так как появление конечной причинности является не только результатом сугубо физических и химических процессов, но и продуктом естественного отбора. Физические же модели применимы только к отдельным этапам и компонентам того многоступенчатого и длительного

процесса, который в итоге делает возможным появление семиотических агентов. Шаров полемизирует также и с Диконом, указывая, что спонтанное возникновение описываемого Диконом минимального аутогена проблематично. Для появления такого агента, как указывает Шаров, потребовался бы первичный бульон, который не встречается в неживой природе. Кроме того, даже если такой бульон и возник бы, он не мог бы существовать продолжительное время, не деградируя за счет перемешивания, растворения, окисления и других процессов.

Продолжает дискуссию текст Сергея Чебанова [Чебанов, 2022]. Реагируя на рассуждения Шарова, Чебанов предлагает при ответе на вопрос о взаимодействии семиотического и несемиотического фокусироваться не на вопросах о том, «кто кого породил», а собственно на особенностях семиотических образований в отличие от несемиотических. Семиотические конструкции, по Чебанову, могут быть не только «правильными и осмысленными», но и «правильными и бессмысленными», «неправильными, но осмысленными», а также «неправильными и бессмысленными». Именно возможность существования неправильных и бессмысленных конструкций отличает семиотические образования от механических. Также Чебанов указывает на перспективную и неосвоенную область исследований, которая может стать потенциальным местом для настоящей «встречи» семиотики и физики. Такой областью могут стать исследования, посвященные проблеме тела знака (знаконосителя). Именно в этом контексте уникальны живые организмы – которые как раз и являются «телами знаков», «особенно гостеприимными для смысла».

Вообще все пять авторов – Дикон, Патти, Чебанов, Шаров и Шерман, – с теориями которых мы хотим ознакомить читателей МЕТОДа в этой рубрике, – яркие представители одного из наиболее перспективных направлений современной биосемиотики. Эта область исследований сегодня развивается крайне динамично, и в ней, как сами читатели могут убедиться, остается много пространства для неожиданных вопросов, оригинальных аргументов и насыщенных споров. Вопросы о возникновении жизни и о том, что вообще делает живое живым, – это вопросы, важность которых для понимания Вселенной и нашего места в ней трудно переоценить. Биосемиотика предлагает взглянуть на эту вечную проблему под таким углом, который позволяет не только формулировать новые и неожиданные ответы, но и уточнить сами вопросы, которыми мы задаемся.

Список литературы

Ильин М.В. Движущие силы эволюции // МЕТОД : ежегодник трудов из обществоведческих дисциплин : ежегод. науч. изд. / РАН, ИНИОН, Центр перспект. методологий социал. и гуманитар. исслед. – Москва, 2021. – Вып. 11. – С. 73–87. – URL: <http://www.doi.org/10.31249/metod/2021.11.03>

- Остапенко Г.И., Думов А.В. Терренс Дикон. Как молекулы стали знаками (Реферат) // Наст. изд.
- Свирчевский Д.А. Как молекула стала сообщением? (Реферат) // Наст. изд.
- Фомин И.В. Неполнота природы и self – body problem: Эмергентизм как попытка преодоления дуализма духа и материи // МЕТОД : Московский ежегодник трудов из обществоведческих дисциплин : сб. науч. тр. / РАН, ИНИОН, Центр перспект. методологий социал. и гуманист. исслед. ; ред. кол.: М.В. Ильин (гл. ред.) и др. – Москва, 2020. – Вып. 10 : Вслед за Декартом. Идеальная чистота и материальная основа мышления, познания и научных методов. – С. 77–90. – URL: <http://www.doi.org/10.31249/metod/2020.10.03>
- Фэроу М. Эмергенция субъектности: атрибутирование качеств, феноменальный опыт и существование / пер. с англ. А.Д. Борисова ; науч. ред. пер. А.В. Суховерхов, И.В. Фомин // МЕТОД : Московский ежегодник трудов из обществоведческих дисциплин : сб. науч. тр. ; РАН, ИНИОН, Центр перспект. методологий социал. и гуманист. исслед. ; ред. кол.: М.В. Ильин (гл. ред.) и др. – Москва, 2020. – Вып. 10 : Вслед за Декартом. Идеальная чистота и материальная основа мышления, познания и научных методов. – С. 91–122. – URL: <http://www.doi.org/10.31249/metod/2020.10.04>
- Чебанов С.В. Встреча физики и семиотики – только семиопозис? // Наст. изд.
- Шаров А.А. Как интегрировать биосемиотику с биологией и физикой? // Наст. изд.
- Шерман Дж. Величайший потенциальный вклад биосемиотики в биологию // Наст. изд.
- Deacon T.W. How Molecules Became Signs // *Biosemiotics*. – 2021. – Vol. 14, N 3. – P. 537–559. – URL: <https://link.springer.com/10.1007/s12304-021-09453-9>
- Fomin I.V. Incomplete Nature and Self – Body Problem: Emergentist Transcendence of the Dualism of Spirit and Matter // *METHOD : Moscow Yearbook of Social Studies*. – 2020. – N 10. – P. 77–90. – URL: <http://www.doi.org/10.31249/metod/2020.10.03>
- Ilyin M.V. Agency of evolution // *METHOD : Moscow Yearbook of Social Studies*. – 2021. – N 11. – P. 73–87. – URL: <http://www.doi.org/10.31249/metodannual/2021.11.03>
- Pharoah M. The Emergence of Qualitative Attribution, Phenomenal Experience and Being // *METHOD : Moscow Yearbook of Social Studies*. – 2020. – N 10. – P. 91–122. – URL: <http://www.doi.org/10.31249/metod/2020.10.04>

Ivan Fomin¹
Introducing Section

For citation: Fomin I. (2022). Introducing Section. *METHOD: Moscow Quarterly Journal of Social Studies*, 2 (4), P. 105–108. <http://www.doi.org/10.31249/metodquarterly/02.04.04>

¹ Ivan Fomin, independent researcher, e-mail: fomin.i@gmail.com

Свирчевский Д.А.¹

Как молекула стала сообщением?

Реферат статьи: Pattee H.H. How does a molecule become a message? // Communication in Development. Developmental Biology Supplement / Lang A. (ed.). – New York ; London : Academic Press, 1969. – Vol. 3. – P. 1–16.

Ключевые слова: биосемиотика; коммуникация; язык; происхождение жизни; компьютерная симуляция; иерархическая организация.

Для цитирования: Свирчевский Д.А. Как молекула стала сообщением? (Реферат) // МЕТОД : московский ежеквартальник трудов из обществоведческих дисциплин: ежеквартал. науч. изд. / под ред. М.В. Ильина ; ИНИОН РАН, центр перспект. методологий соц.-гуманит. исследований. – М., 2022. – Вып. 12. – Т. 2, № 4.– С. 109–114. – URL: <http://www.doi.org/10.31249/metodquarterly/02.04.06>. – Реф. статьи: Pattee H.H. How does a molecule become a message? // Communication in Development. Developmental Biology Supplement / Lang A. (ed.). – New York ; London : Academic Press, 1969. – Vol. 3. – P. 1–16.

Говард Патти – американский биолог, профессор Бингемтонского университета. Его доклад «Как молекула становится сообщением» был представлен на конференции «Коммуникация в развитии» в 1969 г., а затем неоднократно перепечатывался, обсуждался и цитировался.

Свой доклад Патти начинает вопросом: «Как мы можем распознать, когда в живых системах *происходит* коммуникация?» [Pattee, 1969, p. 1]. И далее уточняет: «Как отличить *коммуникацию* между молекулами от обычных физических *взаимодействий* между молекулами или от действий сил, которые, как мы полагаем, объясняют все их движения» [ibid., p. 1]. Патти убежден, что для ответа на эти вопросы начинать нужно с самого начала, с самого простого – с различения коммуникации между молекулами и взаимодействий между ними, которые можно свести к их движению. «Более того, – продолжает Патти, – данное различие необходимо делать на *наиболее возможно простом уровне*, поскольку рассмотрение высокораз-

¹ Свирчевский Дмитрий Алексеевич, студент Национального исследовательского университета «Высшая школа экономики», e-mail: dasvirchevskiy@edu.hse.ru

© Свирчевский Д.А., 2022

витых организмов, в которых коммуникационные процессы достаточно отчетливы и ясны, не дает ответа на вопрос об их происхождении» [Pattee, 1969, p. 1].

Понимание функционирования коммуникации на молекулярном уровне дает нам ключ к осознанию путей возникновения не только языка, но и жизни: «Мы пытаемся понять не молекулярную структуру, а структуру языка в самом простом (elementary) смысле, а это означает понимание не только того, как это работает, но и того, как оно возникло» [ibid., p. 2].

Патти делает предположение, что первые «сообщения» выражались не в высокоинтегрированном и точном генетическом коде, который мы находим сегодня, а в более глобальном наборе геофизических и геохимических ограничений, которые мы могли бы назвать первобытным «экосистемным языком», из которого генетический код образовался почти так же, как наши формальные правила синтаксиса и словари образовались из функционального использования примитивных символов в сложной среде. Он считает, что если бы это действительно было так, то более вероятно, что «воспроизведение в процессе развития» в форме внешних циклов не только предшествовало автономному «самовоспроизведению», но могло бы объяснить форму самого генетического кода.

Некоторые свойства языков и символов

Рассуждая о происхождении языка, Патти обращается к знаменитой теории «застывшей случайности» Френсиса Крика [Crick, 1968], согласно которой происхождение иерархической организации тем более сокрыто, чем выше ее развитие: «Иерархические организации скрывают свое происхождение по мере развития» [Pattee, 1969, p. 4].

В процессе коммуникации происходит упрощение сложного динамического процесса, в котором изначально слишком много деталей затмевают основную функцию системы: «Одним из необходимых условий появления сообщения является то, что очень сложные взаимодействия приводят к очень простому результату» [ibid., p. 5]. Именно простой результат, который появляется в результате очень сложных взаимодействий, отличает коммуникацию между молекулами от обычных физических взаимодействий.

Каково простейшее сообщение?

Патти отмечает, что простейшее сообщение, которое встречается в природе, состоит во включении или выключении чего-либо. Для обозначения подобного действия он предлагает использовать термин *выключатель* (*switch*): «Выключатель является хорошим примером элемента с

чрезвычайно простой функцией – более простую функцию трудно себе представить, но с детализированным поведением, выраженным в терминах физических уравнений движения, которые являются чрезвычайно сложными» [Pattee, 1969, p. 6].

Действительно, молекулярные системы работают в режиме «включено / выключено», который имеет огромный объяснительный потенциал и может воспроизводить многие из самых сложных биологических действий, в том числе различные аспекты мышления. Патти считает, что мы не имеем возможности объяснить работу молекулярных выключателей с точки зрения фундаментальной физики, но зато мы можем рассмотреть, при каких условиях можно ожидать, что сеть переключателей будет функционировать в контексте языка.

Каков простейший природный язык?

У выключателя, взятого самого по себе, отсутствует какая-либо функция, даже если мы могли бы объяснить его происхождение. Вопрос состоит в том, насколько большой должны быть биологическая система, чтобы можно было говорить о том, что у биологической функции, присущей этой системе, есть смысл. И каков размер системы, которую мы считаем живой? По мнению Патти, язык появился в рамках ограничений первобытной экосистемы и сам язык был порожден существовавшими ограничениями:

«Молекула не становится сообщением из-за какой-либо конкретной формы, структуры или поведения молекулы. Молекула становится сообщением только в контексте более крупной системы физических ограничений, которую я назвал “языком” по аналогии с нашим обычным использованием понятия сообщения» [ibid., p. 8].

Простейшие искусственные языки

Пытаясь найти возможный простейший формальный язык, который тем не менее сможет порождать бесконечно большое количество теорем, логики и математики создают компьютерные программы. Однако функциональная простота не так легка в достижении, и программы, призванные выполнять простые функции, оказываются действительно сложны в деталях, из которых они составлены.

Патти отмечает, что наше понимание генетического кода и программ развития все еще находится на уровне «как это работает», мы все еще не понимаем, какие детали являются главными, а какие второстепенными в структуре организма. Поэтому нам следует искать не элементы,

выполняющие четко определенные функции, а функции, возникающие спонтанно из наборов четко определенных элементов.

Симуляция истоков

Для Патти важно изучать поведение сети в целом, а не то, как работают отдельные выключатели внутри нее. Он отмечает, что, хотя мы не можем следовать за естественным ходом эволюции из-за его продолжительности, мы можем с успехом создавать компьютерные симуляции, моделирующие происхождение молекулярных сообщений, языковые ограничения и коды. Занимаясь компьютерным моделированием, мы надеемся, что «основная динамика происхождения иерархической организации настолько фундаментальна, что ее можно наблюдать даже в должным образом спроектированной искусственной среде. Существенным условием изучения “естественного” происхождения искусственных машин является то, что мы не можем переопределить функцию, которая, как мы надеемся, возникнет спонтанно» [Pattee, 1969, p. 12].

Патти приводит пример успешного компьютерного моделирования, ссылаясь на Стюарта Кауффмана [Kauffman, 1969], который в своей симуляции создал ситуацию спонтанности, присущую живым системам, т.е. сконструировал такую случайную сеть, которая состояла из случайных, а не предзаданных значений переключателей, составлявших ее. На входе значение каждого выключателя выбиралось случайным образом, но после выбора и функция выключателя, и сетевая структура, соединяющая входы и выходы выключателя, были зафиксированы. Важным результатом такой симуляции стало то, что при низкой связности «сеть производила циклы активности, которые были одновременно короткими и стабильными – короткими по сравнению с огромным количеством состояний и стабильными в том смысле, что сеть возвращается к тому же циклу, даже если переключатель в этом цикле на мгновение выключен, когда он должен быть включен, или наоборот» [Pattee, 1969, p. 12–13].

Одним из недостатков подобных моделей является то, что устройство компьютера сильно отличается от устройства клетки, однако гораздо важнее то, что в данных симуляциях мы изучаем работу не отдельных коммутаторов, а всей сети, т.е. коллективное поведение. Компьютерное моделирование может помочь найти принципы развития и эволюции, общие для всех типов иерархических организаций. Только с помощью исследований такого типа мы можем надеяться отделить существенные правила от замороженных случаев в живых организмах.

Роль теории в биологии

Свой доклад Патти заканчивает следующими словами: «На что мы все можем надеяться, так это на то, что языковые ограничения на всех уровнях биологической организации подобны правилам наших формальных языков, которые конечны и относительно просты, даже если их достаточно для создания бесконечного числа предложений и значений. В то же время мы должны помнить, что потенциальное разнообразие программ действительно бесконечно и что мы не должны тратить наши таланты экспериментаторов на это бесконечное разнообразие без тщательного отбора, основанного на гипотезах, которые необходимо проверить. Конечно, нам потребуются дополнительные экспериментальные данные о конкретных сигнальных молекулах и о том, как они осуществляют контроль за развитием. Но чтобы понять, как молекулы стали сообщениями и как они спроектированы и интегрированы для работы с такой невероятной эффективностью, мы должны также учитывать надежность контролирующих молекул, а также проблемы и ограничения экосистемы, которая контролировала их эволюцию. Это, в свою очередь, потребует гораздо более глубокого понимания физики коммутаторов и логики сетей» [Pattee, 1969, p. 15–16].

Список литературы

- Pattee H.H. How does a molecule become a message? // Communication in Development. Developmental Biology Supplement / Lang A. (ed.). – New York ; London : Academic Press, 1969. – Vol. 3. – P. 1–16.
- Kauffman S.A. Metabolic stability and epigenesis in randomly constructed genetic nets // Journal of Theoretical Biology. – 1969. – Vol. 22, N. 3. – P. 437–467.
- Crick F.H.C. The origin of the genetic code // Journal of Molecular Biology. – 1968. – Vol. 38, N 3. – P. 367–379.

Dmitriy Svirchevskiy¹ How does a Molecule become a Message?

A summary of: Pattee, H.H. (1969). How does a Molecule become a Message? Communication in Development. Developmental Biology Supplement, 3, 1–16.

Keywords: biosemiotics; communication; language; origin of life; computer simulation; hierarchical organization.

Abstract. Howard Pattee is an American biologist and professor at Binghamton University. In this review, I summarize the main arguments expressed in his famous report “How

¹ **Dmitriy Svirchevskiy**, student of the National Research University Higher School of Economics, e-mail: dasvirchevskiy@edu.hse.ru

the Molecule Becomes a Message.” This report was presented at the “Communication in Development” conference in 1969, and then repeatedly reprinted, discussed and cited.

For citation: Svirchevskii, D.A. (2022). How does a molecule become a message? by H.H. Pattee (summary). *METHOD: Moscow Quarterly Journal of Social Studies*, 2 (4), P. 109–114. <http://www.doi.org/10.31249/metodquarterly/02.04.06>

References

- Pattee, H.H. (1969). How does a molecule become a message? *Communication in Development. Developmental Biology Supplement*, 3, 1–16.
- Kauffman, S.A. (1969). Metabolic stability and epigenesis in randomly constructed genetic nets. *Journal of Theoretical Biology*, 22 (3), 437–467.
- Crick, F.H.C. (1968). The origin of the genetic code. *Journal of Molecular Biology*, 38 (3), 367–379.

Остапенко Г.И.¹, Думов А.В.²
Как молекулы стали знаками³
(Реферат)

Реферат статьи: Deacon T. How molecules became signs // Biosemiotics. – 2021. – Vol. 14, issue 3. – P. 537–559. – DOI: <https://doi.org/10.1007/s12304-021-09453-9>

Ключевые слова: биологическая информация; интерпретация; аутогенный вирус; семиотический аффорданс; молекулярная модель; аутогенный рабочий цикл.

Для цитирования: Остапенко Г.И., Думов А.В. Терренс Дикон. Как молекулы стали знаками (Реферат) // МЕТОД : московский ежеквартальник трудов из обществоведческих дисциплин: ежеквартал. науч. изд. / под ред. М.В. Ильина ; ИНИОН РАН, центр перспект. методологий соц.-гуманит. исследований. – М., 2022. – Вып. 12. – Т. 2, № 4 : Эволюция систем и кодов, дискурсов и семиозиса. – С. 115–122. – DOI: 10.31249/metodquarterly/02.04.07. – Реф. ст.: Deacon T. How molecules became signs // Biosemiotics. – 2021. – Vol. 14, issue 3. – P. 537–559. – DOI: <https://doi.org/10.1007/s12304-021-09453-9>

Автор статьи – Терренс Дикон – биосемиотик, нейроантрополог, когнитивист, профессор антропологии Калифорнийского университета в Беркли, исследователь в области поиска ответов на вопрос о происхождении жизни и специфики существования живых органических систем. Т. Дикон ставит в центр своих научных интересов наиважнейшие вещи для человеческого существования – особенности и условия возникновения разума из ограничений неодушевленной материи. Автор обладает даром довести до полноценной научной идеи и сформулировать то, что является отчасти интуитивно известным другим ученым.

В статье поднимается вопрос о роде процессов, позволяющих рассматривать молекулу в качестве знака. Дикон обращается к исследованию явления интерпретации в биологических системах, к осмыслению развития их

¹ **Остапенко Герман Игоревич**, магистр политологии, магистрант факультета социальных наук НИУ «Высшая школа экономики», e-mail: ostig@bk.ru

² **Думов Александр Витальевич**, бакалавр философии, кафедра философии Гуманитарного института ФГАОУ ВО «Сибирский федеральный университет», e-mail: avdumov@inbox.ru

³ Исследование выполнено за счет гранта РФФ 22-18-00383 «Междисциплинарные методологические исследования расширенного эволюционного синтеза в науках о жизни и обществе».

интерпретативной компетенции. Он вводит несколько теоретических моделей для различных уровней развития интерпретативной компетенции и обосновывает необходимость отказа от распространенного представления о молекулах ДНК и РНК как первичных источниках биологической информации.

С использованием биосемиотических подходов к объяснению возникновения знаков и знаковых систем применительно к разным сторонам проявления эволюции Дикону удастся объяснить многие процессы посредством анализа интерпретационных систем, заостряя внимание на молекулах как на «семиотических артефактах».

Дикон подвергает критике модель передачи биологической информации Френсиса Крика, названную им «центральной догмой» [Crick, 1959]. Она также соответствует «инженерной» концепции коммуникации, предложенной Клодом Шенноном в «Математической теории связи» [Shannon, 1948]. Эти догма и модель игнорируют референциальные и функциональные аспекты биологической информации. Дикон подчеркивает, что адекватное понимание существования биологической информации невозможно без учета ее функционального содержания, реализующегося на молекулярном уровне. В соответствующих исследованиях необходимо использовать биосемиотический подход.

В своей статье Дикон для иллюстрации интерпретационных свойств разрабатывает молекулярную модельную систему, последовательно усложненные варианты которой укладываются в иерархическую пирсовскую логику «иконичность / индексальность / символичность».

Центральное место в интерпретации

Чтобы говорить о том, что молекула способна представлять информацию о других молекулах, необходимо исследовать процессы, в рамках которых происходит процесс извлечения такой информации – интерпретация. Дикон подвергает сомнению идею о том, что интерпретацией может являться репликация. В случае репликации игнорируются референциальные и функциональные аспекты, так как единственным ключевым информационным процессом становится копирование.

Дикон утверждает, что структурные характеристики молекул, не являясь источником биологической информации, а обеспечивают семиотические возможности. Эволюционно сформированные функциональные ограничения сдерживают интерпретирующую динамику вирусов и клеток.

Такое утверждение Дикона позволяет ему изменить догму эволюционной биологии о молекулах ДНК и РНК как о первоисточнике биологической информации. Прежние подходы к молекуле ДНК как к информации, хранящейся в последовательности нуклеотидов, определяющей признак живого, утратили свою предметность. Концепция биологической информации совместима с концепцией коммуникации. «Биологической пробле-

мой» коммуникации оставалось то, что не учитывалась функция молекулярной информации.

Последовательность нуклеотидов в молекуле ДНК в понимании Дикона – это молекулярная структура, рассматриваемая вне контекста живой клетки. Факта наличия такой структуры недостаточно. Необходим процесс, который это интерпретирует.

Дикона интересует, какой молекулярный процесс следует признать необходимым и достаточным для интерпретации молекулярного свойства как информирующего об иных свойствах. Семиотическое значение ответа находится в плоскости физических аспектов процессов интерпретации, которые могут быть установлены средствами молекулярной биологии.

Проблема происхождения жизни связана с рассмотрением простой системы спонтанно образующихся молекул вне термодинамического равновесия. Система избирательно взаимодействует со своим окружением для поддержания постоянства своих процессов.

Может ли быть репликация, характеризующая передачу информации независимо от соображений смысла, таким процессом?

Дикон отождествляет семиотические свойства со свойствами знакового носителя. Любое свойство физического носителя может служить носителем знака любого типа (знак, индекс или символ). Такие свойства целиком зависят от формы конкретной интерпретации. Внутренние свойства не делают что-то семиотическим. Свойства знака не имеют значения, они – всего лишь возможности. Семиотические свойства включают нечто большее: интерпретацию.

Модельная система

Главный вопрос сводится Диконом к определению молекулярной системы, способной производить интерпретанты. Интерпретанты могут привести репрезентируемое свойство в продуктивные отношения с этой системой. Для понимания физической реализации интерпретации Дикон обращается к возникновению первых форм жизни в результате простых молекулярных процессов при взаимодействии с окружением. Идеализированные простые модельные системы способны выделять основные черты проблемы, не включая в себя непрозрачные свойства.

Цель Диконовского модельного системного подхода в объяснении: как ДНК может использоваться в качестве источника информации о взаимоотношениях между другими молекулами. Модели, основанные на анализе репликации, Дикон признает недостаточными.

Дикон исследует «молекулу как информацию о чем-то другом» через другую модельную систему молекулярного процесса. Такая модельная система – аналог непаразитического вируса (аутогена), способного к автономному воспроизведению. Аутоген использует простой молекулярный процесс для воспроизведения своих частей – это взаимно необходимые катализ и само-

сборка. Катализ и самосборка предполагают развитие интерпретационной компетентности, без которой воспроизведение данной системы невозможно.

Существование аутогена обеспечивают два процесса. Первый – взаимный катализ – цепь потенцирующих друг друга каталитических реакций. Второй – самосборка – связывание элементов вирусных капсид друг с другом. Процессы химически дополняют друг друга путем взаимного ограничения. Созависимость динамик процессов в модели Дикона – источник внутренних каузальных диспозиций, индивидуализирующих всю аутогенную систему.

Свойства самовосстановления и самовоспроизведения обеспечивают воспроизводящийся аутогенный рабочий цикл. Цикл имеет две фазы с разной химической и термодинамической направленностью. Катализ инициирует химический процесс, при разнице энергии от реагента к продукту запускает реакцию. Этот процесс является эндергоническим.

Самосборка позволяет молекулам в высоком энергетическом состоянии осаждаться из раствора в решетку, поглощающую кинетическую энергию, и переходит из более высокого энергетического состояния в более низкое. Этот процесс является экзергоническим.

Энергия, приводящая в движение аутогенный цикл, обеспечивается энергией, высвобождаемой при катализе. Самосборка аккумулирует образующиеся таким образом молекулы и в процессе рассеивает эту энергию в виде тепла и роста. Оба этапа направлены внутрь замкнутой самовоспроизводящейся системы, чтобы регенерировать те условия, которые вызывают эти изменения. Действия каждого из самоорганизующихся этапов создают внешние граничные условия, которые требуются для другого.

Две самоорганизующиеся динамики созависимы и являются разрешающей средой для другой – они взаимовключены друг в друга. Источник каузальных диспозиций – внутренний, внешнее влияние исключается, фиксированные свойства не определяют поведение. Аутоген самоиндивидуализируется, не лишаясь возможности приобретать молекулы и обмениваться ими с окружающей средой. Приобретенные молекулы имеют тенденцию к включению и репликации. Это создаст различные родословные аутогена. Сохранение взаимных ограничений процессов от цикла к циклу является основанием для интерпретационной компетентности системы.

Ограничение, работа и информация

У аутогенной системы есть пять холистических свойств, которые не сводятся к физико-химическим свойствам ее компонентов. Они являются следствием внутренней диспозиции целостной интегрированной системы.

1. Индивидуация – различие «я» / «не-я»).
2. Автономия – собственные и взаимные граничные условия.
3. Рекурсивность – самовоспроизводство граничных условий или самоподдержание самоподдержания.

4. Нормативность – стремление к определенным результатам.

5. Интерпретация.

Смысл приведенной Диконом модельной системы – установить основание интерпретационной компетентности. Как характеризуется простая интерпретационная способность в семиотических терминах? Основное семиотическое различие – между собой («я») и «не-я». Отсюда – нарушение целостности является признаком «не-я». Динамика, которая восстанавливает стабильное состояние, – порождение интерпретанта, который реконструирует это различие между собой и «не-я». Цикл аутогенного разрушения и самовосстановления рассматривает каждую форму нарушения как неотличимую друг от друга – как иконическую: система может производить только одну форму интерпретанта. Иконизм является самой основной семиотической операцией, он отмечает предел того, что можно интерпретировать.

Семиозис должен исходить из иконизма. Он выделяет точку, в которой более развитый интерпретант не может быть создан. Так, иконизм рассматривается не как особенность знакового носителя, а как функция интерпретативной неразличимости.

Аутогенный аналог индексальной интерпретации

Семиотические свойства отождествляются не со свойствами носителя знака, а с обеспечением возможности интерпретационной компетентности агента. Смещение акцента становится важным для биосемиотического анализа: оно помогает устранить неоднозначность использования связки «икона – индекс – символ».

Из базовой формы саморепрезентации Дикон выводит усложнение интерпретационной динамики. Вводится дополнительная способность интерпретировать условия окружающей среды по значимости для рекурсивного самоподдержания интерпретирующей системы.

Саморепрезентирующая способность аутогена позволяет установить корреляцию между изменениями хрупкости капсулы для этого «я» и его способности к интерпретации. В семиотических терминах, индексальная интерпретационная компетентность (корреляционная способность) зависит от базовой иконической интерпретационной компетентности (изоморфная способность). Вложенная зависимость, где уровни семиозиса построены иерархически, может рекурсивно повторяться уровень за уровнем.

Простейшая интерпретационная компетенция аутогена рассматривается Диконом как способность к осуществлению базового семиотического различия «я» и «не-я». Иконичность становится основанием и отправной точкой для семиозиса в целом.

Дикон описывает три разные по сложности модели аутогенной системы. Совокупно они демонстрируют принципы интерпретативной логики. Функционирование интерпретаторов позволяет учитывать референциаль-

ные, инструктивные и функциональные аспекты существования биологической информации.

Первой моделью является простая аутогенная система. Второй – система с контекстно зависимым расширением. Третьей моделью является аутогенетическая система, катализ в которой ограничен молекулярной структурой матрицы. Трехуровневая структура развития интерпретативной компетенции рассматривается Диконом как наделенная фундаментальным значением. Спецификой биологического существования информации являются системная значимость граничных условий, формируемых локальными структурами, и принадлежность информационных явлений (знаковых средств) к категории ограничений (constraints).

Энергичная прелюдия

Ограничения, составляющие рекурсивно самоподдерживающуюся молекулярную систему, обеспечивают мнемонические, обучающие и нормативные атрибуты, которые Дикон отождествляет с биологической информацией.

Дикон рассматривает усиление простого аутогенеза. Побочным продуктом, образующимся при аутогенном катализе, является молекула. Подобная нуклеотидам АТФ, она может приобретать и отдавать энергию, переносимую пирофосфатными связями. Доступность этой общей свободной энергии потенциально могла бы способствовать более эффективному катализу. Но наличие высокоэнергетических молекул полезно только во время динамических эндергонических процессов и может нарушить экзергонические реакции и стабильные молекулярные структуры. Может происходить потенциальное повреждение молекул во время инертной фазы аутогенеза. Чтобы сохранить их неповрежденными и доступными для катализа, их нужно каким-то образом хранить в неактивной форме.

Нереакционноспособные молекулы на основе нуклеотидов – это молекулы ДНК и РНК. В этих нуклеотидных полимерах фосфатные остатки не вступают в реакцию и их можно эффективно «хранить» для последующего использования посредством деполимеризации. Таким образом, в эволюционном сценарии первоначальная функция молекул полинуклеотидов – энергетическая, и только позже в ходе эволюции они используются уже для информационных задач.

От хранилища к шаблону к информации

Спонтанная деградация внутренних ограничений взаимодействия может происходить без потери специфичности. В результате динамические ограничения, обеспечиваемые химическими взаимодействиями, переносятся на структуру отдельной молекулы. Поддержка структурой шаблона, а не взаи-

модействиями смещает источник ограничений взаимодействия со свойств катализатора на свойства шаблона. Шаблон не трансформируется в результате химических реакций. Он может служить более стабильным источником памяти и инструкций, позволяя заменять катализаторы другими типами молекул. Информационная взаимозависимость между шаблоном и динамикой означает, что модификации шаблона будут иметь последствия для динамической организации всей системы.

В системе, опирающейся на шаблон, можно выделить два уровня семиозиса: один загружен из другого и вложен в него. Во-первых, есть интерпретация шаблона, в которой шаблон шаблона можно рассматривать как репрезентатив (знаковое средство). Порядок связывания катализаторов на матрице можно считать непосредственной интерпретацией. Их впоследствии ограниченный паттерн взаимодействия можно считать динамическим интерпретантом. Привычка, связывающая их в синергетическую систему, может считаться окончательным интерпретантом.

Ссылочное смещение

В семиотических терминах Дикон описывает результат как создание отношения, подобного коду (отличного от генетического кода). Оно подобно коду, поскольку основано на сопоставлении компонентов между элементами в двух наборах не связанных друг с другом субстратов. Хотя процесс генетической трансляции намного сложнее, чем описанный здесь аутогенез с помощью шаблона, в основе лежит абстрактное сходство в том, что подобное коду («произвольное») отображение в обоих случаях зависит от конкретной комбинации изометрии и корреляционных отношений.

Структура биосемиотических лесов

Диконом предлагается трехуровневая структура интерпретационных процессов. Смещение аффорданса (возможности определенного применения), в котором информационная среда отделена от ограниченной динамической среды, обеспечивается смещением ограничений с одного физического субстрата на другой. Смещение ограничений опосредуют сопряженные изоморфные (подобие) и коррелятивные (смежные) аффордансы. Это обеспечивает мост для поддержания непрерывности информации, несмотря на прерывистость субстрата. Изменение в субстрате обеспечивает новые изоморфные и корреляционные возможности. Интерпретационные процессы, использующие преимущества этих свойств, одновременно переинтерпретируют интерпретационные процессы более низкого порядка. Это порождает интерпретативную рекурсию, позволяя развиваться уровню за уровнем.

Обеспечивая рекурсивную регуляцию больших наборов генов, регуляторная логика обеспечивает основу для семиотического построения. Становится возможным появление все более высоких уровней интерпретационной компетентности. Семиотическое ограничение постепенно передается от молекул к клеткам, тканям и структурам тела. С каждым более высоким уровнем смещения на новый уровень субстрата возникает форма рекурсии более высокого порядка.

Выводы

Предложенные в статье молекулярные модели еще не объясняют происхождения генетического кода. Они вытекают из критического анализа представлений, основанных на редукции понимания биологической информации к анализу репликации как воспроизведения паттерна. Модели аутогенных живых систем позволяют приблизиться к объяснению, как молекула, ДНК или РНК, может обретать свойство «записи» конституирующих и поддерживающих живую систему динамических молекулярных отношений и управления ими. Модели позволяют прийти к объяснению того, как молекулы предоставляют информацию об иных молекулах. Модели Дикона акцентируют внимание на обусловленности информационной функции нуклеиновых кислот их способностью к воплощению ограничений, формируемых созависимыми динамиками процессов аутогенных систем. Это может служить источником аргументов для инвертирования порядка рассмотрения эволюции генетического кода, установленного «центральной догмой» молекулярной биологии.

German Ostapenko¹, Alexander Dumov² How Molecules Became Signs (Summary review)

A summary of: Deacon T. (2021). How Molecules Became Signs. *Biosemiotics*, 14 (3), P. 537–559. <https://doi.org/10.1007/s12304-021-09453-9>

Keywords: biological information; interpretation; autogen virus; semiotic affordance; molecular model; autogen work cycle.

For citation: Ostapenko, G.I., Dumov, A.V. (2022). Terrence Deacon. How Molecules Became Signs [Summary of the article «How Molecules Became Signs» by T. Deacon]. *METHOD: Moscow Quarterly Journal of Social Studies*, 2 (4), 115–122. DOI: 10.31249/metodquarterly/02.04.07

¹ **German Ostapenko**, HSE University (Moscow, Russia), e-mail: ostig@bk.ru

² **Alexander Dumov**, Humanitarian institute of Siberian Federal University (Krasnoyarsk, Russia), e-mail: avdumov@inbox.ru

Шерман Дж.¹

**Величайший потенциальный вклад
биосемиотики в биологию**

Аннотация. Призыв к биологам принимать семиотику во внимание, скорее всего, не получит отклика. Ведь они уже учитывают ее в рамках принятого методологического стандарта наук о жизни. Этот стандарт я буду называть *абстрактно-параллельной инженерией*. При этом вкладом биосемиотики в биологию, который был бы самым значительным – таким, чтобы сами биологии в нем нуждались, – могла бы стать более строгая методологическая альтернатива этой самой абстрактной параллельной инженерии. Такая альтернатива может быть сформирована посредством доказательной проверки концепции того, как семиотика, понимаемая здесь как функциональные интерпретационные усилия живых существ, может появиться из одних только физических явлений. Концепция такого рода объясняла бы, как организмы борются за существование *эргодинамически*, т.е. через изменение вероятной физической работы, притом что результатом такого изменения становится усилие, которое функционирует для поддержания работы организма, т.е. работы как семиотического отклика на рабочее пространство организма или интерпретации.

Ключевые слова: определение жизни; эмергенция; абдукция; интерпретация; семиотика; категоризация.

Для цитирования: Шерман Дж. Величайший потенциальный вклад биосемиотики в биологию // МЕТОД : московский ежеквартальник трудов из обществоведческих дисциплин: ежеквартал. науч. изд. / под ред. М.В. Ильина ; ИНИОН РАН, центр перспект. методологий соц.-гуманит. исследований. – М., 2022. – Вып. 12. – Т. 2, № 4. – С. 123–152. – URL: <http://www.doi.org/10.31249/metodquarterly/02.04.08>

Введение

В 1888 г. русский минералог Владимир Вернадский писал своей жене: *«Собирать же факты, как они собираются теперь – без программы, без сознания зачем, к чему – перспектива далеко не интересная. Задача, которую здесь разрешит когда-нибудь человеческий ум, однако, чрезвычайно интересна. Минералы – остаток тех химических реакций, которые*

¹ Джереми Шерман, независимый исследователь, доктор философии в области эволюционной эпистемологии (Беркли, Калифорния, США), e-mail: js@jeremysherman.com

© Шерман Дж., 2022

происходили в разных точках земного шара; эти реакции идут согласно законам, нам неизвестным, но которые, как мы можем думать, находятся в тесной связи с общими изменениями, какие претерпевает земля как звезда. Задача – связать эти разные фазисы изменения земли с общими законами небесной механики»¹.

135 лет спустя мы можем сказать, что удалось достичь немалых успехов в решении той самой задачи, которую когда-нибудь разрешит ум, в отношении минералов, но даже и близко не в отношении эволюции самого человеческого ума или ума иных существ.

Многие исследователи не согласятся с этим, утверждая, что социальные науки и науки о жизни добились выдающихся успехов. Я же утверждаю, что хотя и был достигнут значительный прогресс в описании эволюции разума, но у нас все еще нет объяснения фазового перехода от химии к разуму. На деле многие исследователи, кажется, игнорируют эту сложную задачу, полагаясь на негласную методологическую норму, принятую во всех науках о жизни / обществе и в философии. Эту норму я назову *абстрактной параллельной инженерией (Abstract Parallel Engineering, APE)*.

Абстрактная параллельная инженерия – это глубоко укоренившаяся среди людей тенденция строить в своем воображении инженерные модели для явлений, для которых нет объяснений, и предполагать, что эти воображаемые модели являются не только описательными, но и объясняющими.

Абстрактная параллельная инженерия – это интуитивное, народное средство, с помощью которого люди рассуждают о чем угодно – начиная от автомобилей и заканчивая телами и обществами. Люди, которые не знают, как работают компьютеры, все равно могут интуитивно моделировать их с помощью абстрактной параллельной инженерии, – постулируя категории физических / функциональных черных ящиков (*black boxes*). Компьютеры в таком случае представляются, например, как клавиатуры, аудио- и видеопроцессоры, собранные воедино и соединенные каким-то образом с информационным процессором. Холодильник – тоже ящик, соединенный с некой охлаждающей штуковиной. А автомобиль – это ящик на колесах с каким-то устройством, генерирующим движение, которое как-то преобразует бензин в движение.

Люди, которые мало знают о том, как работают человеческие тела, могут создавать аналогичные модели в духе абстрактной параллельной инженерии: в каждом теле есть физически-функциональный насос (сердце), соединенный с физически-функциональным вентилятором (легкие), соединенным с другими физически-функциональными узлами. Неудивительно, что абстрактная параллельная инженерия – это то, в чем люди особенно хороши. Мы живем и дышим символами и технологиями. Мы естественным образом предполагаем, что все вокруг – это механизмы, которые можно описать.

¹ Цитируется на русском языке по: [Вернадский, 1988, с. 141]. – Прим. пер.

Абстрактная параллельная инженерия хорошо подходит для повседневных задач. Людям не нужно знать, как работают автомобиль, холодильник или тело, чтобы пользоваться ими. Она работает и для создания научных описаний, но вот только не для производства биологических объяснений. Однако на нее полагаются со все большей убежденностью, во многом потому, что у исследователей есть уверенность в том, что существующие организмы просто эволюционировали путем естественного отбора и могут быть схематично отображены как «аппаратные» (*hardware*) и «программные» (*software*) средства.

В биологии абстрактная параллельная инженерия попросту принимает в качестве допущения, что жизнь отличается от физики и поэтому можно игнорировать необходимость объяснять, как из физики возникла семиотика. Абстрактная параллельная инженерия предполагает параллельные, двухаспектные, физико-семиотические или физико-функциональные компоненты. Обратное проектирование живых систем, осуществляемое по такому принципу, оказывается на уровне, напоминающем по своему характеру наброски, отражающие приблизительную архитектуру некоего устройства.

Абстрактная параллельная инженерия просто постулирует в качестве существующих и потом использует «черные ящики» (*black box*) как компоненты, которые не нужно распаковывать (*unbox*) или сооружать. Она собирает эти компоненты, соединяя их таинственными «черными стрелками» (*black arrows*). Таинственными в том смысле, что исследователи допускают двусмысленность относительно того, являются ли эти «стрелки» корреляционными, причинно-следственными или телеологическими.

Модели, созданные по принципу абстрактной параллельной инженерии, абстрактны в двух смыслах. Во-первых, конечно, все модели являются абстракциями. Вопрос заключается в том, что модель игнорирует. Модели абстрактной параллельной инженерии абстрагированы от физической работы (*physical work*), необходимой для создания и поддержания рассматриваемых функциональных явлений. Например, в эволюционной теории, как правило, игнорируется физическая работа, необходимая для репликации генов. Нечто похожее происходит и в биосемиотике, которая обычно игнорирует физическую работу, обеспечивающую производство интерпретанта из знака.

Во-вторых, модели, созданные по принципу абстрактной параллельной инженерии, являются абстрактными в том смысле, что их никогда не нужно сооружать, в отличие от собственно инженерных моделей. Чтобы произвести артефакт, инженер должен в итоге «распаковать» свои черные ящики. С абстрактной параллельной инженерией дело обстоит иначе.

Модели, созданные по принципу абстрактной параллельной инженерии, становятся инженерными проектами. Или же создаются по принципу обратного проектирования. Чтобы их произвести, мы воображаем сборку ранее независимых частей, соединенных «черными стрелками», как при проектировании некоего механизма. И здесь важно заметить разницу –

в отличие от механизмов, большинство физиологических явлений не собираются из частей, а возникают в результате видоизменений через *дифференциацию*, т.е. «вызревают», как при развитии эмбриона.

Модели, созданные по принципу абстрактной параллельной инженерии, часто бывают детализированными, запутанными и сложными. В них могут быть математика, компьютерные симуляции, диаграммы и технические термины; это все может быть настолько сложным, что скрывает за собой отсутствие строгости, присущее абстрактной параллельной инженерии. Такие модели часто дают высокую предсказательную полезность и важные практические знания. На протяжении веков они фактически подарили наукам о жизни множество неординарных и спасительных открытий.

Несмотря на такую щедрость, они дают на выходе только практические описания, предсказания и рекомендации, но не обеспечивают объяснений жизни и семиотики. Через дуализм физического и функционального они принимают как допущение, но не объясняют, как существа, совершающие функциональные интерпретационные усилия (*functional interpretive effort*), связаны с нефункциональной физической работой. Таким образом, разрыв между физическими науками и науками о жизни остается непреодоленным и часто незаметным.

В английском языке глагол «to ape» – означает «копировать близко, но часто неуклюже и неумело». В науках о жизни, однако, абстрактная параллельная инженерия (*APE – abstract parallel engineering*) является узаконенным или, по крайней мере, вполне приемлемым источником двусмысленности. Она допускает натурализацию без фундамента (*grounding*) – натурализацию как рационализацию. Иными словами, она принимает измышления, которые опираются на криптокартезианский дуализм, хотя и отрещивается от него.

Сегодняшнее криптокартезианство предполагает дуализм – оно исходит из того, что существуют программные средства (*software*), которые инстанцируются (*instantiated*) на средствах аппаратных (*hardware*). Оно подобно дуализму разума и тела у Декарта. Как и *res cogitans*, программные средства (*software*) рассматриваются как нематериальная абстрактная идеализация. Оно нематериально и само по себе не совершает никакой физической работы. Тем не менее, будучи инстанцированным на аппаратном средстве, оно производит функциональную работу (*functional work*), как и *res cogitans* Декарта на *res extensa*. Аппаратное средство рассматривается как *res extensa*, недегенеративный материальный механизм, – недегенеративный в том смысле, что компьютерное оборудование создано так, чтобы быть долговечным.

Инстанцирование программного обеспечения на аппаратном обеспечении, как представляется, происходит через некоторую вариацию аналитической геометрии Декарта, в которой абстрактные символы или коды проявляются в *res extensa*.

В этой статье моя цель – предложить шаги на пути к строгой научной методологической альтернативе для абстрактной параллельной инженерии. Я начну с аргумента о том, что динамика знаков отличается от физической динамики не благодаря существованию знаков или информации, а благодаря существованию интерпретаторов – существ, самостоятельно совершающих функциональные интерпретационные усилия. Затем я продемонстрирую, как из-за абстрактной параллельной инженерии это различие часто упускается из виду как в биологии, так и в биосемиотике, что приводит к путанице в том, как науки о жизни отличают категорию живого от неживого.

Затем я остановлюсь на вопросе об абдукции (категоризации) и выделю идеи, позволяющие более эффективно проводить реалистичные категориальные различия. Исходя из этого я предложу более научный подход к категоризации, чем тот, который используется в абстрактной параллельной инженерии. Далее я применю эти идеи для различения семиотической отзывчивости (*semiotic responsiveness*) и строго физических явлений; именно таким образом я продемонстрирую, в чем состоит предложение того самого, часто упускаемого из виду потенциального вклада, который биосемиотика могла бы привнести в биологию.

Биосемиотика – исследование интерпретации, а не знаков

Иногда название темы исследования мешает исследованию из-за ложного исходного предположения. Примером может стать телеология, которая предполагает, что в объяснении нуждается человеческая или богоподобная великая цель, а не семиотические усилия. Семиотика – изучение знаков – может стать еще одним примером из того же ряда, поскольку она определяет в качестве своего предмета изучения знаки, а не интерпретаторов знаков.

«Теория информации» тоже может оказаться неправильным термином. Слияние неodarвинизма, теории коммуникации Шеннона и компьютеризации (*computationalism*) придало ученым, занимающимся науками о жизни, уверенность в допустимости метафорического, опредмечивающего (*reifying*) обращения с информацией, будто бы это объект или свойство, которым обладают некоторые или все материальные вещи (например, «несущие информацию» молекулы). В своей статье «Почему нам нужно семиотическое понимание жизни» Й. Хоффмейер критикует это представление об информации как о чем-то «текущем», «бегущем», «передаваемом» или «переносимом» из одного места в другое» [Hoffmeyer, 2013]. Это принимаемое учеными опредмечивание становится возможным благодаря термину «знак».

Обращение с потоком информации в биологии сегодня сродни тому, как до открытий в области термодинамики для объяснения тепла предпо-

лагалось, что существует некий теплород – овеществленная теплонесущая субстанция, которой и объясняется тепло. Такое опредмечивание является типичным этапом в развитии человеческого понимания, учитывая наши символические и технические привычки, которые склоняют нас к проектированию по-импрессионистски абстрактных опредмеченных объектов и процессов. Мы первым делом представляем себе явления в терминах материального причинно-следственного взаимодействия. Когда мы не можем объяснить какой-либо вид взаимодействия, мы придумываем псевдоматериальные элементы и силы для их описания.

В физических науках термин «информация» тоже используется специфическим образом. Предполагается, что все явления можно измерить в шенноновских битах, что немного похоже на утверждение о том, что раз дороги можно измерить в милях, то они состоят из миль. Вот и выходит, что некоторые физики утверждают, что вся Вселенная – это информация.

Такое понимание информации не является стандартным, практическим. Интуитивно мы знаем, что знаки интерпретируются живыми существами как нечто *о чем-то (about)* – о чем-то полезном для усилий, которые прилагаются этими существами. Хотя любое физическое явление может стать знаком, это происходит только тогда, когда оно интерпретируется живым интерпретатором как функционально значимое для какого-то реального, предполагаемого или воображаемого интерпретатора, учитывая цели этого интерпретатора.

Рассмотрим бестселлер «*Информация: история, теория, поток*» (2011), который вышел из-под пера авторитетного писателя Джеймса Глика, который рассказывает в своих книгах о достижениях науки. В этой работе, получившей премию Уинтона от Королевского общества, слово *информация* встречается более 500 раз, но словосочетание «информация о» (*information about*) – только восемь раз, а «информация для» (*information for*) – ни разу.

К концу второй трети книги о теории информации Глик выдвигает в духе физической науки предположение о том, что все явления во Вселенной представляют из себя информацию и всегда были ею. В последней трети Глик исследует нынешний информационный поток, не объясняя, как возможен поток чего-либо, что всегда уже было вокруг.

Мы живем в «век информации», но продолжаем определять информацию лишь образно, метафорически и по-импрессионистски. Отвергая такие образные теологические концепции, как, например, переселение душ, биологи часто допускают столь же вольные метафоры в своих псевдоматериалистических предположениях о знаках и интерпретирующих их агентах, как я покажу ниже.

Необходимым и активным элементом любого знакового отношения является интерпретатор. Мы можем описать особенности интерпретатора, подобно тому как пресловутые слепцы описывают характерные черты слона. Однако эти описания остаются без фундамента (*ungrounded*), пока

мы не объясним, как интерпретаторы возникают из мира из одной только физической химии.

Объяснение физического возникновения и природы семиотических интерпретаторов могло бы сыграть для ныне опредмеченных понятий «знак» и «информация» ту же роль, что термодинамика сыграла для опредмеченного «теплорода». При этом, как я предположу ниже, такое объяснение могло бы стать ответом на прагматический термодинамический вызов существованию интерпретирующих существ.

Семиотика по принципу абстрактной параллельной инженерии в биологии

В биологии абстрактная параллельная инженерия обосновывается через предположение о том, что жизнь отличается от химии. В химии отсутствуют живые существа, вовлеченные в функциональные интерпретационные усилия, а в жизни они есть. Живые существа борются за свое существование. Химия – нет.

Биологи склонны считать, что естественный отбор или наличие «несущих информацию молекул», таких как ДНК или РНК, могут быть обоснованием для различения живого и неживого и, следовательно, обоснованием для допущений о том, что живые существа прилагают функциональные интерпретационные усилия.

Естественный отбор объясняет мотивацию не больше, чем существование горы объясняет мотивацию для восхождения на нее или «выбирает» тех, кто достигнет вершины. Описать признак как эволюционировавший или созданный для какой-то цели – значит подразумевать, что естественный отбор – это слепой часовщик, который хоть и не видит, но все же имеет свои цели.

Естественный отбор – это не выживание наиболее приспособленных существ, а не-выживание (*non-survival*) существ, прилагающих недостаточно функциональные интерпретационные усилия. Это неуспех существ, борющихся за свое существование. Существа, совершающие функциональные интерпретационные усилия, – это важнейший аспект жизни. Естественный отбор не был какой-то новой силой, которая вошла во вселенную и создала жизнь. Жизнь предшествовала естественному отбору, а не наоборот.

Дарвин отмечал: «Вглядываясь в природу, мы никогда не должны <...> забывать, что каждое единичное органическое существо, можно сказать, напрягает все свои силы, чтобы увеличить свою численность»¹. В этом предложении «можно сказать» – это ключевая фраза. Биологи используют предложение о существовании функциональных интерпретационных уси-

¹ Цитируется на русском языке по: [Дарвин, 1937, с. 160]. – Прим. пер.

лий тогда, когда им это потребуется. А когда нужно – могут описывать биологические явления и в строго физико-химических терминах (например, когда речь идет о цикле Кребса).

Хоффмейер (2011) обращает внимание на этот часто упускаемый из виду пробел в теории Дарвина, заявляя, что «шедевр Дарвина был посвящен происхождению видов, а не происхождению жизни, и он занимал агностическую позицию по вопросу о происхождении жизни. То, что все существа этого мира непрерывно “стремятся” найти пищу, спастись от хищников, найти партнеров для спаривания и т.д., было настолько очевидно для Дарвина, что он просто взял этот факт в качестве отправной точки для всего своего анализа».

Согласно универсальному дарвинизму, естественный отбор стал, даже в руках некоторых биологов, оправданием для того, чтобы просто принимать как допущение, что то, что долго сохраняется, сохраняется лучше всего. Здесь проявляется неспособность провести различие между элементами, которые сохраняются благодаря долговечности, и агентами, борющимися за свое собственное сохранение.

Точно так же РНК и ДНК, просто молекулы, объясняют жизнь не больше, чем молекулы гормонов объясняют аппетит, который они вызывают, но исследователи часто предполагают, что полинуклеотиды по своей природе отличаются от других химических веществ. ДНК и РНК каким-то образом являются «носителями информации», причем информация трактуется двойственным образом – и как молекулы или паттерны (*res extensa*), и как «инструкции» (*res cogitans*).

Биологическое объяснение часто ближе к объяснению, которое можно ожидать при обратном проектировании (*reverse engineering*) функционального механизма, чем при объяснении строго физико-химических явлений. Например, инженер может объяснить функции каждой детали велосипеда, исходя из того, что велосипед – это механизм, а значит, он функциональнен.

В биологии, как и в инженерии, исследователи предполагают двух-аспектный параллелизм: элементы, которые являются физическими и функциональными, описываются как физические или как функциональные. Например, говорить о молекулах гормонов как о возбуждающих аппетит допустимо без объяснения того, как молекула, не имеющая собственных appetitов, осуществляет это возбуждение. Гормон вообще первоначально означал «приводить в движение». В целом, когда биологи определяют функцию физического элемента, они называют его по его функции, подобно тому как инженеры называют свои детали, изготовленные для специальных целей.

Функция (*function*) неизбежна в науках о жизни и недопустима в строго физических науках. Однако, несмотря на все открытия в физических и биологических науках, у нас все еще нет строгого объяснения или обоснования различия между ними. Физик или химик не станет утверждать,

что молекула, звезда или камень *пытаются* чего-то достичь или борются за свое существование. Тем не менее их соседи, ученые, изучающие жизнь или социальные науки, могут совершенно свободно вести речь о существах, которые прилагают функциональные интерпретационные усилия, не имея при этом никакого научного объяснения этому двойному стандарту, кроме того, что жизнь устроена иначе – не так, как химия. Кроме того, на удивление не признается во многом и существование этого непреодоленного пробела, поскольку с ним справляются с помощью абстрактной параллельной инженерии. Эта двусмысленность создает ситуацию, когда биологам доступны сразу три объяснительных инструментария, которые здесь я буду называть объяснением через механику (*mechanics*), объяснением через механизмы (*mechanisms*) и объяснением через мотивы (*motivations*):

– *механика* (например, квантовая, классическая, химическая механика) – это строго бесцельные причинно-следственные физико-химические явления;

– *механизмы* – это функциональная механика, собранная из физических / функциональных частей инженерами для достижения своих целей;

– *мотивы* – это неопознанный, таинственный телеокаузальный фактор, постулируемый в качестве фактора, объясняющего функциональное поведение, без объяснения того, что это за фактор и как он вытекает из строго физической механики.

Сегодня ученые, изучающие жизнь и общество, определяют мотивы только по их последствиям. Если они наблюдают усилия, то предполагают, что они были следствием мотивации, предположительно заложенной в физической механике, но не спроектированной (кроме как метафорически) естественным отбором. Мотивация – это как энтелехия, предполагаемый фактор, который не более объясним, чем такие овеянные теологические понятия, как «душа», «дух» или «жизненная сила».

Биологи часто оправдывают абстрактную параллельную инженерию с помощью того, что можно назвать *педагогической лицензией (pedagogical license)*, – это антропоморфизм в изложении положений наук о жизни и социальных наук для неспециализированной аудитории, использование интуитивных фигур речи абстрактной параллельной инженерии, потому что детальное понимание было бы выше возможностей аудитории. Известный биолог Урсула Гуденаф (2022, стр. 28) в своей книге «*Священные глубины природы*» пишет:

«В этих описаниях я часто использую антропоморфный язык – аминокислоты предпочитают что-то делать, а ферменты что-то распознавать – потому что так устроено человеческое мышление: мы следуем повествованиям с главными героями, наделенными агентивностью. Фактически биологи постоянно используют подобные аналогии / метафоры; мы говорим о рецепторах-сиротах, о белках, которые служат компаньонами (шаперонами), и о генах, которые путешествуют автостопом. Хотя мы обладаем прочным научным пониманием молекул и механизмов, о которых

мы говорим, обычно проще передать это понимание в тщательно подобранных антропоморфных образах, передающих суть процесса».

Тем не менее, независимо от глубины научного анализа исследователя, абстрактная параллельная инженерия остается в силе. Даже самый микроскопический биологический винтик остается физическим объектом, который функционирует как винтик. Каким бы подробным ни было понимание информационной РНК, она остается двухаспектной сущностью – и физическим полинуклеотидом, и функциональным посредником.

Модели абстрактной параллельной инженерии могут быть очень формальными и техническими, но тем не менее они могут не иметь никакого отношения к тому, как процессы работают в природе. Это несоответствие хорошо заметно на примере искусственного интеллекта: то, что компьютер может моделировать человеческие задачи с высокой предсказательной полезностью, ничего не говорит нам о том, выполняют ли люди эти задачи с помощью вычислительных средств. Компьютериализм (*computationalism*), функционализм и инструментализм предполагают, что науке достаточно абстрактной параллельной инженерии. И это так, но только если рассматривать науку как инженерию – описание, предсказание и предписание, но не объяснение.

Приняв статус «живое» (*living*) в качестве исходного условия для своих объектов исследования, биологи накопили огромное количество описаний «живого» поведения и объяснений этого поведения, по желанию используя механистический, механический и мотивационный инструментарий. В результате наше детальное понимание жизненных явлений растет, но объяснение самой жизни продолжает от нас ускользать.

Абстрактная параллельная инженерия задействуется в исследованиях о происхождении жизни. Мир РНК, считающийся сегодня наиболее перспективным направлением изысканий, оперирует предположением, что репликация РНК объясняет или позволяет оставлять без объяснений существование организмов, совершающих функциональные интерпретационные усилия.

Все химические реакции являются механикой репликации. Это молекулярные паттерны, которые распространяются по-разному в зависимости от имеющихся энергетических перепадов. То, что РНК может записывать паттерны, которые в редких условиях могут размножаться путем катализа, не объясняет, каким образом простое распространение паттернов становится борьбой за их собственное существование.

Используя абстрактную параллельную инженерию, биологи придумывают способы говорить о двойственности материальной / псевдоматериальной информации с помощью параллельного описания, набора провозглашаемых правил соответствия, оправданием для которых служит вера в то, что жизнь отличается от химии и поэтому следует другим правилам. Винер и Розенблют (1945) защищают абстрактную параллельную инженерию, оставляя открытым вопрос о нахождении фундамента (*grounding*)

биологических объяснений. Обосновывается это так: «Действительно, наука исходит и должна исходить из этой дуалистической основы. Но даже если ученый ведет себя дуалистически, его [*sic*] дуализм имеет практический характер и не обязательно подразумевает строгую дуалистическую метафизику».

Биология ждет того, что биосемиотика могла бы, приложив целенаправленные усилия, предоставить. Она ждет объяснения того, как существа, совершающие функциональные интерпретационные усилия, возникли благодаря одной только физической химии. Решение этой задачи стало бы значительным вкладом, на который биология могла бы полагаться в качестве имеющего фундамент (*grounded*) обоснования для того различия живного и неживого, которое на сегодняшний день оправданий не имеет.

Абстрактная параллельная инженерия в биосемиотике

Биосемиотика выделилась из семиотики поздно, почти задним умом. В 1990-х годах Лотман начал размышлять о семиозисе у животных, утверждая, что человеческое поведение в принципе отличается от поведения животных тем, насколько важную роль в нем играет непредсказуемое [Лотман, 2000, с. 34]. Это сродни картезианской интерпретации животных как машиноподобных. К тому же, здесь выпадает из рассмотрения вегетативная семиотика.

Лотман также утверждал: «Семиотика означает две вещи. Одна вещь – это семиотика как описание, как перевод некоторой деятельности на адекватный научный язык. Вторая – понимание самого механизма»¹. Это различие может означать, что нам нужен описательный язык и объяснение физических механизмов, в которых он воплощен. Хотя, казалось бы, наиболее целесообразно было бы, чтобы объяснения служили основной для развития объяснительного языка.

Это может просто означать, что научный язык будет опираться на механизмы понимания. Однако одного только этого может оказаться недостаточно, чтобы объяснить фазовый переход от физического к семиотическому, как это подразумевает Вернадский, процитированный выше. То есть задача состоит в том, чтобы объяснить, как семиотика возникает как различные физические явления в рамках физической химии.

В своей статье под смелым названием «Биология – незрелая биосемиотика» (2011) Йеспер Хоффмейер затрагивает эту проблему. Он отмечает, что «эволюционные корни агентивности, функциональности и семиозиса погребены глубоко в ныне вымерших пребиотических системах», и говорит, что «на данный момент мы просто предпочитаем отодвинуть вопрос о происхождении до “пороговой зоны”, ниже которой мы не находим

¹ Цитируется на русском языке по: [Кулль, Вельмезова, 2018, с. 9]. – *Прим. пер.*

семиозиса, функции или агентивности, а выше которой система действительно проявляет эти свойства».

Под «эволюционными корнями» он, возможно, подразумевает либо общее разворачивание естественной истории, либо эволюцию путем естественного отбора. (Эти два определения эволюции часто смешиваются, из-за чего возникает двусмысленность.) Если он имел в виду последнее, то он делает распространенное, хотя и негласное, сомнительное биологическое предположение, что естественный отбор объясняет происхождение жизни.

Хоффмейер далее переходит к тому, как семиозис и генетическая фиксация переплетаются в процессе обучения, именуемом естественным отбором. Этот удар бьет в точку, где биологические объяснения неадекватны и уязвимы. При этом сам этот удар основан на принципе абстрактной параллельной инженерии, так как проводит метафорическую параллель между естественным отбором и обучением.

Здесь я хочу остановиться на моменте, который Хоффмейер упоминает вскользь: пока у нас не будет объяснения конкретных шагов при переходе от механики причинно-следственных связей к механике целей-и-средств жизни, абстрактная параллельная инженерия будет оставаться допустимой методологической нормой в биологии, а биосемиотика будет оставаться избыточной и периферийной для биологии. Или, говоря иначе, биологи будут зависеть от биосемиотики тогда и только тогда, когда биосемиотика сможет объяснить конкретные шаги, посредством которых интерпретационные усилия (цели-и-средства жизни) возникают в рамках физической, причинно-следственной работы.

Не имея такого мостика в виде объяснения, биосемиотики – возможно, чтобы соответствовать методологии биологов, – часто предполагают, что их модели инстанцируются (*instantiated*) в физикохимии и возникают в ней, не объясняя, каким образом это происходит.

Биосемиотика часто присваивает биологическим механизмам функциональные, категориальные семиотические ярлыки. В качестве примеров можно привести «обучение» как ярлык для естественного отбора у Хоффмейера, «семиотику» – для выбора [Kull, 2018] и «функцию» – для эстетики у Кулля [Kull, 2022], «химические взаимодействия» (2012) – для кодов у Барбиери, а также ДНК – для сообщений, возникающих из «первобытного экологического языка», у Патти [Pattee, 2012]. Исследователи затем провозглашают законы соответствия между параллельными сферами физики и функционирования, как бы устанавливая стандарты, по которым следует строить модели из двухаспектных черных ящиков и стрелок.

Чтобы проиллюстрировать, как абстрактная параллельная инженерия используется в биосемиотике, рассмотрим книгу «Семиотическая агентивность» [Sharov and Tonnessen, 2021, p. 14–15]. Далее курсивом выделены предполагаемые элементы, процессы и связи, включающие в себя абстрактную параллельную инженерию.

«Для натурализации семиозиса мы используем следующие принципы... Знак – это то, что Бейтсон (1987 [1972]: 459) назвал *информацией*: “различие, которое создает различие” для какого-то агента. Во-первых, способность *обнаруживать* и *идентифицировать* различие (которая воспринимается) поддерживается *специальными сигнальными и / или когнитивными путями* внутри агента, которые возникли в процессе эволюции или онтогенеза для поддержки определенных функций (которые создают разницу). С этой точки зрения знаки – это *семиотические инструменты*, которые *используются агентами* для достижения регуляции их *целенаправленной деятельности*. Во-вторых, мы распознаем семиозис даже у простых агентов, которые *интерпретируют* знаки механистически... В-третьих, семиозис (знаковые процессы) может быть *общим* для агентов более высокого уровня и их *субагентов*... И, в-четвертых, изучение как простых, так и сложных агентов *требует сочетания механистического и семиотического анализа*, которые *дополняют друг друга*. Эти две эвристики *продуктивны в предсказании и объяснении феномена агентивности*, но *объяснительная сила механистических моделей выше для простых агентов и снижается с ростом сложности, когда немеханистический подход становится все более продуктивным*».

Это провозглашенные правила параллельного, двухаспектного описания – инструкции по выстраиванию с помощью абстрактной параллельной инженерии соответствий между физикальностью (*physicality*) и функциональностью (*function*), которые «дополняют друг друга». Эти правила не объясняют, как семиотические усилия возникают из физикохимии. Вместо этого они предполагают параллельность этих сфер.

В личном электронном письме Шаров отмечает, что найти фундамент (*grounding*), позволяющий дать «объяснение конечной причинности на основе физики (действующей и формальной причинности)», «просто невозможно и не нужно». Для его целей достаточно «дополнительных эвристик», как и для всего моделирования посредством абстрактной параллельной инженерии в философии, науках о жизни и обществе.

Если назвать это натурализующей семиотикой или агентивностью, то можно предположить, что натурализация похожа на рационализацию или морализацию – в том смысле, что она подразумевает надуманность, несоответствие стандарту, оправданное смягчением стандарта. Семиотика, имеющая фундамент (*grounding*), – это нечто иное. Она должна объяснять, как существа и их функциональные семиотические усилия возникают на фундаменте физической работы. Не просто натурализованная, а именно естественная, связанная с таким фундаментом (*grounded*) семиотика была бы именно такой.

Как и в биологии, исследования в сфере биосемиотики могут быть очень продуктивными в плане получения описаний, предсказаний и рекомендаций. Нет ничего плохого в том, что биосемиотики исследуют внутренние и внешние знаковые отношения в рамках методологии абстрактной

параллельной инженерии, но такие исследования мало чем отличаются от исследований в современной биологии.

Признаки жизни

Поскольку биологи обосновывают абстрактную параллельную инженерию, исходя из предположения, что объекты их исследований живые, поразительно, что они расходятся во мнениях по поводу определения, что такое жизнь. Как излагает Циммер (2021), ученые Фрэнсис Весталл и Андре Брэк пишут: «Обычно говорят, что существует столько же определенных жизни, сколько людей пытаются ее определить». Астробиолог Раду Попа заявляет: «Это нетерпимо для любой науки... Вы можете взять науку, в которой для одной вещи существует два или три определения. Но наука, в которой самый важный объект не имеет определения? Это абсолютно неприемлемо» [Zimmer, 2021]. Биофилософ Келли Смит говорит: «Любой эксперимент, проведенный без четкого представления о том, что он ищет, в конечном итоге ничего не решает» [Zimmer, 2021].

В философии онтология – это стремление к ясности относительно природы существования, а эпистемология – стремление к ясности относительно природы знания. Эпистемология классически понимается как стремление к обоснованному истинному убеждению. Эволюционная эпистемология – это изучение знания как непрерывного процесса биологической адаптации.

Различение живого и неживого, объяснение существования интерпретационного усилия предоставило бы фундамент (*grounding*) для онтологии и эпистемологии. Однако такое объяснение было бы интерпретационным усилием исследователя. Таким образом, объяснение онтологии эпистемологии является эпистемологическим актом. Или, выражаясь биосемиотическим языком, задача состоит в определении признаков (знаков) жизни (*signs of life*). Это семиотическая задача объяснения онтологии семиотики. Еще мы могли бы описать (тоже не избежав порочного круга) наши усилия как интерпретационные усилия в целях понимания истинной природы интерпретационных усилий, или же как неизбежно субъективные усилия для объяснения объективности субъективности.

На эту круговерть можно ответить тремя основными способами. Мы можем в отчаянии вскинуть руки. Мы можем ткнуть пальцем наугад, начиная с любой эпистемологической основы. Или мы можем засучить рукава и заняться созданием минимальной научной эпистемологии, на основе которой можно объяснить онтологию интерпретации.

Вскинув руки в отчаянии, мы могли бы сказать, что, учитывая этот порочный круг, искать границу между не-жизнью и жизнью так же безнадежно, как пытаться проглотить свой рот. Мы не можем принять никакой интерпретации онтологии интерпретации, потому что это была бы интер-

претация. Это ответ, отсылающий к тайне (*mysterian*). Он резонирует с утверждением Шарова, что найти такой фундамент (*grounding*) невозможно и не нужно.

Ткнув пальцем наугад, мы могли бы начать с любых интерпретационных предположений, которые мы предпочитаем для объяснения интерпретации, и дебатировать с другими, начинающими с иных предположений, без стандарта для определения того, какая интерпретация лучше. Это и есть посылитарный (*possibilitarian*) ответ. Он стимулирует споры между конкурирующими теориями, но, как предполагает Келли, «в конечном итоге ничего не решает».

Засучив рукава и взявшись за работу, мы можем искать минимальную научную эпистемологию для объяснения онтологии эпистемологии – искать основные допущения, тщательно отобранные и строго применяемые для выстраивания наших изысканий. Далее я сделаю несколько предложений относительно минимальных эпистемологических стандартов, которые могли бы наилучшим образом обеспечить строгую онтологию эпистемологии. В частности, я рассмотрю наименее строгий аспект методологии абстрактной параллельной инженерии – свободное позиционирование (*loose positing*) категориальных черных ящиков.

Более строгие требования к абдукции

Абстрактные «черные ящики», двухаспектные элементы или модули абстрактной параллельной инженерии – это продукты категоризации или обобщения. Как мы приходим к определениям категорий элементов, которые мы используем в создании моделей абстрактной параллельной инженерии? Как мы решаем, есть ли такая категория, как существо, функция, интерпретация (или усилие), знаки, агентивность, мотив, телос, воля или борьба за существование? Что отличает научный подход к определению категорий? По какому стандарту термины категории «агент» или «мотив» считаются научными, а теологические термины «душа» или «дух» – нет?

Платон описывает задачу категоризации как разделение на «естественные составные части», «стараясь при этом не раздробить ни одной из них, как это бывает у дурных поваров»¹ (*cutting nature at its proper joints*). То есть различать категории вещей следует таким образом, чтобы они точно отражали реальность. Даосизм предлагает идеализацию подобного рассечения в аллегории о мяснике, который настолько четко знает, где находятся сочленения, что ему никогда не приходится точить нож.

В повседневной жизни использование «черных ящиков» в стиле абстрактной параллельной инженерии – это прагматически эффективный

¹ Цитируется на русском языке по: [Платон, 2007]. – Прим. науч. ред.

принцип сродни бритве Оккама. Он гласит: предполагай наименьшее возможное количество сочленений или категориальных элементов.

В отличие от повседневности, при категоризации в науке цель состоит в том, чтобы узнать, где расположены все соединения (*joints*) и где их нет. Как и любое решение из области «да / нет», вопрос «есть ли соединение?» дает истинные и ложные положительные и отрицательные ответы, что приводит к двум видам ошибок. Ложноположительная – это ложная дихотомия: предположение о наличии сочленения там, где оно отсутствует. Ложноотрицательный ответ – это ложное тождество: предположение об отсутствии сочленения там, где оно есть.

Как же стать похожим на даосского мясника? С помощью каких средств можно наиболее эффективно узнать, где находятся сочленения, а где нет? Как наиболее эффективно различать хорошие и плохие методы категоризации? В этих вопросах тоже есть порочный круг, ведь мы пытаемся провести разделение в точке сочленения, которая находится на стыке между хорошим и плохим способами проводить разделения.

Категоризация – наименее строгий аспект наших современных научных методов. Одна из интерпретаций истории науки состоит в том, что первый прорыв в науке состоял в том, чтобы привнести большую строгость в дедукцию или формализм. Это начиналось, возможно, еще с Пифагора. Второй прорыв в истории науки привнес большую строгость в индукцию или эмпиризм. Это прорыв мы больше всего ассоциируем с переходом от натурфилософии к науке.

При этом едва ли можно утверждать, что наука привнесла такую же строгость в область категоризации. Здесь она оставляет исследователям свободу в том, чтобы постулировать и овеществлять категории различных «черных ящиков», когда эти «черные ящики» включаются в модели, строящиеся по принципу абстрактной параллельной инженерии.

Согласно интерпретации Пирса, которую я принимаю здесь, абдукция является основой всех интерпретаций. Абдукция – это иконичность, которая категоризирует в силу отсутствия различий, – когда различия внутри категории, которые не создают различий в восприятии. Абдукция – это неспособность различить. Это категоризация явлений как сходных или тождественных. Формально это категоризация явлений по общим признакам. В этом состоит третья инверсия в трактовке силлогизмов у Пирса (1931–1958: CP 2.623).

Пример Пирса (CP 2.623):	Соответственно:
ДЕДУКЦИЯ Правило: Все бобы из этого мешка белые. Случай: Эти бобы из этого мешка. Результат – Эти бобы белые.	ДЕДУКЦИЯ Правило: Все люди смертны. Случай: Сократ – человек. Результат: Сократ смертен.
ИНДУКЦИЯ Случай: Эти бобы из этого мешка. Результат: Эти бобы белые.	ИНДУКЦИЯ Случай: Сократ – человек. Результат: Сократ смертен.
АБДУКЦИЯ Правило: Все бобы из этого мешка белые. Результат: Эти бобы белые.	АБДУКЦИЯ Правило: Все люди смертны. Результат: Сократ смертен.
АБДУКЦИЯ Правило: Все бобы из этого мешка белые. Результат: Эти бобы белые. Случай: Эти бобы из этого мешка.	АБДУКЦИЯ Правило: Все люди смертны. Результат: Сократ смертен. Случай: Сократ – человек.

Рис. 1.
Абдукция по Ч.С. Пирсу

Абдукция – это наша классификация Сократа как человека на основании того, что у него есть общие с человеком черты. Так мы предполагаем, что человек, который выходит из комнаты и возвращается, – это один и тот же человек, ориентируясь на остающиеся неизменными характеристики. Так мы узнаем свою машину на парковке.

Абдукция может быть активной, как, например, когда мы внимательно разбираемся и решаем, что подозреваемый является убийцей, потому что у них больше общих черт, чем различий. Абдукция может быть и пассивной, как, например, неспособность распознать камуфляж и отличить его от окружения.

Формальная абдукция является корнем всей теории множеств. У людей есть способность пользоваться символами, поэтому для людей множества неразличимых внутри группы явлений могут быть названы и разграничены. В других организмах абдукция является продуктом пороговых эффектов. Например, хотя бактерия и не концептуализирует ограниченное множество под названием «сахар», она будет мигрировать в направлении сахара или молекул, похожих на сахар, посредством интерпретации по принципу порогового эффекта. Возможно, неуместно называть такие пороговые эффекты категоризацией. Тем не менее это абдукция. Предположительно, живые организмы проводят различия тем меньшие, чем ближе эти организмы находятся к моменту возникновения жизни.

Абдукция или категоризация настолько естественны для нас, что в большинстве работ по логике она не упоминается. В тех случаях, когда она рассматривается, ее часто считают, следуя эпизодической трактовке Пирса, синонимом генерации гипотез [Douven, 2022].

Индукция и абдукция являются гипотетическими, поскольку они неполны, в отличие от дедукции. При индукции, сколько бы человек ни оказался смертным, остается возможность существования бессмертного

человека. Аналогично, при абдукции, независимо от того, сколько общих черт у Сократа с человеком, остается возможность упущенной черты, которая его отличает.

Предложения касательно более строгой абдукции

Индуктивные и абдуктивные гипотезы усиливаются за счет приращения (*accretion*). Чем больше людей оказываются смертными, тем сильнее становится индуктивное заключение о том, что человек смертен. Чем больше у Сократа общих черт со всеми людьми, тем сильнее абдуктивный вывод о том, что он человек.

На практике индукция и абдукция сопутствуют друг другу как процессы обучения методом проб и ошибок, через уточнение путем последовательного приближения. При абдуктивном изменении категориальных определений некоторые из ранее включенных в категорию случаев исключаются по мере включения новых случаев. И наоборот, включенные случаи могут изменить абдуктивное определение.

Например, киты, которые когда-то считались рыбами, методом проб и ошибок были исключены из этой категории и включены в категорию млекопитающих, тем самым изменив определение млекопитающих [Romero, Jr., 2012]. Иногда абдуктивная / индуктивная диалектика разрушает или переопределяет существующие категории. Иногда она вводит новые категориальные различия. В биологической категоризации мы наблюдаем оба процесса.

Пирс намекал на конструктивную или генеративную связь между абдуктивными и индуктивными гипотезами. Эту мысль развил Терренс Дикон (1976). Например, собака Павлова ассоциировала колокольчики с предстоящей едой, используя ассоциацию между двумя абдуктивными категориями, неразделимыми случаями появления колокольчиков и еды.

Конус-ветроуказатель начинают считать индикатором ветра в результате многочисленных случаев наблюдения ткани, надутой под углом под воздействием многочисленных случаев ветра. Предлагается, как говорится, «сложить два и два», когда множественные неразличимые проявления одного коррелируют с другими множественными неразличимыми проявлениями другого. Тем не менее это «сложить» часто является пассивным и не обязательно должно быть аддитивным – скорее оно должно быть субтрактивным, когда по мере рассмотрения каждого нового случая происходит ограничение возможностей (например, колокольчики попадали в диапазон, ограниченный по сравнению с диапазоном всех звуков, которые могла ожидать собака Павлова; или, из всех направлений, куда мог бы повернуться ветроуказатель, наиболее вероятны те, что ближе к стороне, куда дует ветер).

Абдуктивная задача состоит в том, чтобы отделить существенные атрибуты от случайных. Часто это происходит методом проб и ошибок, как в случае с открытием того, что киты – это млекопитающие. Эту задачу также может облегчить выделение категории по ее самым ранним проявлениям.

В процессе эволюции случайные черты накапливаются и приспосабливаются. Объяснение категории живого на примере человека, вероятно, приведет к тому, что случайные признаки будут рассматриваться как существенные. Классификация Линнея, основанная на отличительных фенотипах, была усовершенствована с помощью кладистики, которая обращает внимание на точки ветвления в генетических линиях.

Возможно, что априорные (дедуктивные) и апостериорные (индуктивные) суждения должны быть дополнены абдуктивными суждениями *эмергентистского (from-the-emergence)* характера, объясняющими категории на основании истоков их возникновения.

Вероятно, эмергентистские рассуждения упускаются из виду из-за нашего стремления объяснить то, что интересует нас больше всего, как в случае с нашим стремлением понять человеческое сознание. Побочным эффектом этого стремления является тенденция утверждать, что мы объяснили больше, чем объяснили, двумя способами: путем тайного включения того, что мы пытаемся объяснить, в наши категоризации (что Деннетт (1995) называет *алчным редукционизмом (greedy reductionism)*) и путем утверждения, что мы объяснили больше, чем объяснили (что можно назвать *алчным эмергентизмом (greedy emergentism)*, хотя, возможно, более уместны *недоэмергентизм (needy emergentism)* или *перезнание (insight overreach)*). Предполагать, что все уже категорически является информацией, – это редукционизм. Утверждать, что категории ДНК или естественного отбора объясняют жизнь, – это *недоэмергентизм* или *перезнание*.

Ошибка предвзятости подтверждения (*confirmation bias*) может привести исследователей к *недоредукционизму* или к *недоэмергентизму*. Виной тому то, что я буду называть *непорочными понятиями (immaculate conceptions)*. Это такие теории или концепции, которые звучат правдоподобно в безупречной изоляции от альтернативных концепций, исключений из наших правил категоризации или случаев, которые соответствуют категориальному стандарту, но исключены из категории.

К примеру, биолог Дэвид Хейг (2021) классифицирует интерпретатора как «устройство, которое использует информацию при выборе». Хотя это понятие может быть применимо к живым существам, оно не отличает их от машин.

Э.Н. Трифонов утверждал, что «самовоспроизводство с изменчивостью» является общей нитью, проходящей через 123 определения жизни [Zimmer, 2021]. Однако эта категоризация не обязательно отличает живые существа от компьютерных вирусов или катализируемых молекул. Она

также исключает бесплодные живые существа или их виды (например, мулов).

При определении категорий мы должны обращать внимание не только на те случаи, которые соответствуют определению и категории, но и на те, которые не соответствуют ни категории, ни определению. Из-за ошибок предвзятости подтверждения мы можем утверждать, что все X – это Y , но обоснованность такой категоризации зависит от существования не- X , которые являются Y , и X , которые не являются Y .

Наше стремление объяснить рост какого-то интересного категориального признака часто заставляет нас сосредоточиться на его абсолютном, а не относительном росте. Мы можем получить новое знание, осознавая, что рост одних возможностей может быть относительным сокращением других возможностей.

Для примера, некоторые из величайших загадок науки оставались неразгаданными до тех пор, пока исследователи не использовали то, что я называю *наоборотностью* (*vice-versality*), – универсальную способность рассматривать изменения с противоположных сторон, например либо увеличение одних возможностей, либо уменьшение других. Дарвин объяснил видообразование, обратив внимание на дифференциальное выживание, причем не только тех организмов, которые существуют, но и тех, которым не удалось выжить. Карл Поппер обращал внимание на фальсифицируемость, подчеркивая важность устранения интерпретаций, которые были отвергнуты как ложные. Людвиг Больцман объяснял термодинамику, обращая внимание на относительную маловероятность порядка по сравнению с беспорядком. Клод Шеннон, основатель теории связи (обычно, по переименованию, рассматриваемой как теория информации), продемонстрировал, что репликация паттерна может быть измерена как относительное сокращение возможностей. Объясняя феномен самоорганизации, У. Росс Эшби (1962) утверждал, что «в прошлом биологи склонны были думать об организации как о чем-то дополнительном, чем-то добавленном к основным переменным, современная же теория, основанная на логике коммуникации, рассматривает организацию как ограничение». В каждом из этих случаев прорыв произошел в результате рассмотрения относительного роста одних качеств по отношению к относительному сокращению других качеств.

Более строгая абдукция в применении к категории семиотического

Вкратце рассмотрев абдуктивную задачу рассечения природы по ее точкам сочленения (*joints*), я теперь сосредоточусь на точке фундаментального сочленения, которое отличает семиотические явления от несемиотических.

Очевидно, что семиотическая отзывчивость (*semiotic response*) отличается от физической реакции стола при ударе, изменения белка или двоичного бита в компьютере, который оказывается инвертирован под воздействием других двоичных битов. Реакция стола объясняется только физикой. Семиотическая отзывчивость не может быть объяснена только физикой. Хотя мы могли бы заключить, что нечто, добавленное к физической отзывчивости, делает ее семиотической, обратное должно быть верно в силу сохранения материи. Через мгновение после смерти труп содержит всю ту же материю, что и до смерти, но его способность к семиотической отзывчивости исчезла, осталась только физическая отзывчивость.

В соответствии с предположением Эшби, семиотическая отзывчивость может быть ограниченным подмножеством физической отзывчивости, разницей между безразличной пассивной реакцией на навязанную извне работу и проактивными усилиями в ответ на внешние различия. Если в физику ничего не добавлено, чтобы сделать ее семиотической – в нее не вдохнули жизненную силу или душу, – мы вынуждены искать объяснение семиотического отклика как эмергентного ограничения внутри физической материи.

Эмергентное ограничение (*emergent constraint*) – это динамическое, далекое от равновесия (*far-from-equilibrium*) сокращение возможностей. В качестве интуитивного примера можно привести дорожные заторы – эффект пропускной способности, который делает некоторые пути менее вероятными, чем другие. При наличии заторов объезд может стать путем наименьшего сопротивления.

Эмергентное ограничение, приводящее к семиотической отзывчивости, будет отличаться от пробок на дорогах или, в более общем смысле, от самоорганизации. Это будет самовосстанавливающееся эмергентное ограничение, которое направляет энергию в работу, воспроизводящую то же самое эмергентное ограничение.

Мы можем дать такому эмергентному ограничению, отличающему семиотические усилия, новое имя, например самость (*selfhood*), агентивность (*agency*), интериорность (*interiority*). Или мы можем назвать его старым именем – например, душой или духом. Но назвать – не значит объяснить. Достойный вызов для биосемиотики – объяснить в строго физических терминах, как семиотическая отзывчивость возникает как иной вид феномена внутри одной только физической отзывчивости.

Семиотическая отзывчивость подразумевает отношения «я – другой», «я» интерпретирует «не-я», умельт взаимодействует с миром. Когда умельт существа не реагирует на свой мир успешным образом, существо умирает. Его эмергентное ограничение исчезает. Остается только труп, возвращенный к просто физической отзывчивости, который, прах к праху, неумолимо скатывается к дегенерации и случайности.

Когда существа умирают, мы можем сделать вывод, что они были как-то не приспособлены, хотя мы не можем точно определить ни кон-

кретную черту, которой им не хватало, ни полный набор черт, которые могли бы их спасти. Выживание с неизбежностью находится под сомнением, как это признается в фаллибилизме Пирса. Невозможно избежать возможности ситуаций, когда, по иронии, кажущиеся дезадаптивными черты в определенном контексте становятся адаптивными и наоборот.

Интерпретация знаков не пассивна, а порождает интерпретационное усилие, функциональное для усилий существа остаться в живых. Таким образом, не может быть семиотики без усилий, которые являются функциональными для существа.

В абстрактной параллельной инженерии физические органы человека часто рассматриваются как долговечные детали механизма. Это не так. Они существуют благодаря постоянным самовосстанавливающимся усилиям (*self-regenerative effort*). Для иллюстрации рассмотрим определение биологом Дэвидом Хейгом интерпретатора как «устройства, которое использует информацию для выбора». Хейг утверждает, что фотоэлектрический датчик – это интерпретатор, что-то вроде глаза или живого визуального интерпретатора. Но фотоэлектрические датчики – это машины, рассчитанные на долговечность, а глаза остаются функциональными только благодаря постоянным самовосстанавливающимся усилиям. Усилия нужны не только для того, чтобы видеть, но и для того, чтобы постоянно восстанавливать способность видеть. Существа сохраняются не благодаря долговечности, а благодаря постоянным усилиям, направленным на то, чтобы оставаться существами.

С предлагаемой здесь точки зрения семиотика – это изучение не знаков, а существ, находящихся в отношениях «я – другой» со своим окружением, борющихся за свое существование. Тем не менее, если мы ищем сущность семиотики, мы можем спросить, является ли любое функциональное интерпретационное усилие универсальным для всех существ. Если да, то это будет ключом к надежному определению категории «жизнь».

Одна из интерпретаций Пирса может дать подсказки, которые помогут нам прийти к надежному определению жизни через его концепции тихизма (*tychism*), синехизма (*synechism*) и предвыделения (*prescinding*).

Тихизм – по Пирсу, это то, что основано на случайности. Это то, против чего выступает приспособленность. Тихизм – это не просто обретение «фундамента» (*grounding*) через случайность и беспорядочность в истоках Вселенной. Напротив, это второй закон термодинамики, универсальная, неизбежная статистическая тенденция, состоящая в том, что со временем порядок скатывается к рандомизации, сегрегация – к десегрегации, паттерны – к деградации, концентрация – к диффузии и регулярности к разрегулированности. Тихизм – это константа максимального производства энтропии, которую все организмы должны превзойти в своей борьбе за существование.

Фундаментальная прагматическая семиотическая задача для всех живых существ – опередить второй закон термодинамики, защититься от выро-

ждения и регенерировать то, что вырождается. Это опережение более фундаментально, чем «самовоспроизведение с изменчивостью» Э. Трифонова, поскольку, деградировав, существо не может самовоспроизводиться.

Чтобы организмы могли выжить в универсальном контексте тихистского второго закона термодинамики, они должны заниматься упорядочиванием, не только самоорганизацией, но и самоформированием – т.е. речь идет о формирующей силе по Канту в отличие от просто движущей силы.

Синехизм – это приверженность Пирса онтологической непрерывности. Это можно интерпретировать как предположение, что разрывов не существует. Такая позиция едва ли заслуживает доверия даже в самом ее утверждении – если бы не было разрывов, не было бы существ, которые могли бы утверждать, что не существует разрывов. Я же понимаю под синехизмом существование онтологических непрерывностей с эмергентными различиями. Как таковой синехизм выступает противоядием от дуалистической методологии (т.е. параллелизма абстрактной параллельной инженерии), которая постулирует и провозглашает соответствия между отдельными сферами без объяснения их непрерывности. Синехизм предполагает единую вселенную, избегая при этом редукционизма. Таким образом, организмы отличаются от не-организмов, но состоят из одного и того же материала и подчиняются одним и тем же естественным законам. Синехизм, таким образом, предполагает эмергенцию (*emergence*), хотя и не объясняет ее.

Эмергенция – непрерывность с различиями, предполагает, что вместо того, чтобы предполагать, что существуют неизменные ньютоновские твердые тела, следующие детерминированными лапласовскими неэмергентными путями, мы должны думать статистически о потоках популяций и ограничениях. Порыв ветра или течение воды – это популяция взаимодействующих элементов. Хотя мы можем моделировать такие течения как одномерные векторы, потоки популяции отличаются от траектории ньютоновского твердого тела.

Натурализм отличается от ньютоновского материализма. Природа включает динамические популяционные эффекты, потоки и ограничения, например популяции молекул, движущихся друг с другом и друг против друга по путям наименьшего сопротивления. Я называю это методологическое различие *ограничение (narrowing) vs направление (arrowing)*.

Нам полезно помнить, что в наших моделях одномерные направления как стрелки от нулевых точек А до В являются абстракциями. Мы можем построить схему пути со стрелкой из точки А в точку В, но мы идем по любому из различных путей, задаваемых ограничениями, сужающими наши возможные траектории, например по любой полосе четырехполосного шоссе.

Модели абстрактной параллельной инженерии склонны абстрагироваться от единичных путей, подобно тому как при проектировании водо-

проводной системы водопроводчик может игнорировать пути, по которым может пройти конкретная молекула через суженные ограничения трубы.

С точки зрения ньютоновского материализма эмергенция требует, чтобы нечто возникло из ничего, чтобы целое было каким-то образом больше по качеству или количеству, чем сумма его частей – добавленных атрибутов или, например, частей «информации», добавленной в химию. С точки зрения эмергентизма и синехизма относительное изменение вероятных путей наименьшего сопротивления может быть, за неимением лучшего термина, *развероятливанием* (*unliklification*) одних путей по сравнению с другими. Когда популяции элементов находятся во взаимодействии, некоторые пути становятся более вероятными, чем другие.

Синехизм предполагает, что, хотя абстрактные модели являются практически полезными упрощениями, наши модели не должны абстрагироваться от физической работы. Наши модели должны быть *эргодинамическими*, т.е. они должны объяснять изменения в вероятной работе. Семиотическая агентивность – это усилие, в самой основе своей, физическая работа, которую выполняет организм, чтоб опередить вырождение. Это не просто пассивная регистрация абстрактных концептуальных символов в вычислениях.

Опять же, неспособность расщепить природу по точкам сочленения часто является результатом того, что случайная или побочная особенность рассматривается как существенная. Это аргумент в пользу того, чтобы объяснять жизнь не с позиции современных высокоразвитых и специализированных организмов, а с самого первого возможного организма. Попытка понять жизнь путем изучения человеческого познания подобна попытке понять универсальные качества категории «шерсть» путем изучения игл дикобраза. Да, это шерсть, но с множеством случайных эволюционных и специализированных качеств. Аналогичным образом, «трудная проблема» сознания (“*hard problem*”) по Дэвиду Чалмерсу (2007) – это не «трудная», а «затрудненная» проблема (*made harder problem*), поскольку она пытается объяснить человеческое сознание из физики, а не из возникновение существ, делающих функциональные интерпретационные усилия¹.

Даже энантивистское предположение о том, что все существа постоянно активны, может быть разрушено по случайному сочленению. Спящие семена растений могут сохранять жизнеспособность тысячелетиями. Учитывая универсальный прагматический приоритет жизни – опережать вырождение, – даже при зарождении жизни существа должны быть способны защищаться от вырождения и восстанавливать то, что деградирует. Тем не менее для первого возможного живого существа постоянное самовосстановление может оказаться слишком сложной задачей. Вирусоподобная спячка может быть необходимой самозащитой для первых существ, спонтанно возникших из химии.

¹ Подробнее см.: [Фомин, 2021]. – Прим. науч. ред.

Предвыделение (prescinding) – это то, как Пирс разделял неразделяемое: рассматривая атрибуты системы и помня при этом, что атрибуты не являются дискретными модулями, функционирующими независимо от системы, в которой они находятся. Семиотика не существует в отрыве от других отличительных черт жизни. Я предлагаю альтернативное определение жизни – жизни как изменения вероятной работы. Такой подход позволяет поставить определение жизни на «эргодинамический» фундамент (*grounded*).

Работа...	...которая работает...	...для поддержания работы химической системы...	...в ее рабочем пространстве
Усилия	Функция	Существо	Интерпретация
Агентивность	Нормативность	Жизнеспособность	Семиотика
Чем-ность	Зачем-ность	Быть-ность	Очём-ность
Разница в усилиях...	...которая создает функциональную разницу...	...в плане выживания...	...в локальной среде

Рис. 2.

**Предположение о том, что общего
у всех живых (семиотических) систем**

Каждая из этих четырех колонок представляет одну из граней жизни. Все четыре грани возникли бы вместе. Первая колонка представляет усилия в отличие от исключительно физической работы. Мы могли бы назвать это *чем-ностью (by-ness)*: существо действует (*чем?*) приложением усилий.

Вторая колонка описывает функции, полезности, ценности, нормативности, значение, пользу *для* существа. Отсюда название – *зачем-ность (for-ness)*. Третья колонка представляет само существо (*being*), которое опережает вырождение, защищаясь от вырождения и регенерируя то, что вырождается. Существительное «существо» (*being*) связано с глаголами «существовать» и «быть». Существа суть такие существа, которые проактивно «существовыывают». Это можно назвать *быть-ностью (being-ness)*. Объединяя первые три колонки, мы имеем: существо осуществляет *быть-ность*, действуя (*чем?*) приложением функциональных усилий (*зачем?*) на благо существа. Четвертый столбец описывает интерпретацию, приспособленность и семиотическую отзывчивость в отношении локальных обстоятельств существа, т.е. *очём-ность (about-ness)*.

Биосемиотика может оставаться отдельной исследовательской темой, сосредоточенной исключительно на интерпретации в биологии. Однако в природе семиотика проявляется только как одна из граней, предвыделенная из трех других. Без полного четырехгранного «комплекта» нет ни знаков, ни информации. Нет интерпретации без усилия, нет усилия без функции, нет функции без интерпретации, и ни одна из этих трех предвыделенных характеристик не существует без существ, хрупких в своей

структуре, борющихся за то, чтобы оставаться существами, посредством самозащиты и самовосстановления.

Заключение

Для биосемиотики и других наук о жизни категориальная сущность живого – это тот самый слон из басни Крылова о Кунсткамере. Его трудно не заметить, хотя все стараются его не замечать. Вообще, в данном случае вся Кунсткамера – *это и есть* слон. Ведь в значительной степени ученые, изучающие жизнь, продолжают действовать в рамках неозвучиваемого предположения, что жизнь – это нечто особенное, отличающееся от неживого, не объясняя, как живые существа и их функциональные интерпретационные усилия возникли в рамках всего лишь физико-химической работы.

Функциональное интерпретационное усилие – это подкатегория работы. Это работа (т.е. усилие), которая работает (т.е. функционирует), чтобы физическая система (т.е. существо) работала, обеспечивая семиотический отклик (т.е. интерпретируя) свое рабочее пространство или среду. Согласно этому определению, в знаменитой формуле у Бейтсона о том, что информация – это «различие, которое создает различие», не хватает еще одного «различия». Информация – это требующее усилий различие, которое создает интерпретационное различие, которое создает функциональное различие, которое создает различие для продолжения жизнеспособности существа, борющегося за свое существование.

Абстрактная параллельная инженерия играет быстро и свободно с этими четырьмя заранее оговоренными гранями жизни, свободно переключаясь между механистическими, механистическими и мотивационными объяснениями или фокусируясь на одной грани, исключая другие. Когда мы используем абстрактную параллельную инженерию как адекватную методологию, мы остаемся похожими на начинающих инженеров, спорящих о том, какая модель абстрактной параллельной инженерии лучше, не имея четкого стандарта того, что считать лучшим объяснением.

Опираясь на прорывы в эволюционной теории и теории информации, абстрактная параллельная инженерия призывает нас не обращать внимания на вопрос о том, как возникли существа и их семиотические усилия. В крайнем выражении абстрактная параллельная инженерия допускает две уверенно звучащие, но слишком упрощенные эвристики: во-первых, необходимым и достаточным объяснением существования организмов является естественный отбор, процесс отсеивания (*elimination*), который можно представить как механистическое конструирование организмов подобно действиям слепого часовщика; во-вторых, если мы можем при помощи абстрактной параллельной инженерии создать модель

определенной категории бытия или любого ее элемента, значит, эту категорию мы уже объяснили.

Пока науки о жизни, включая биосемиотику, опираются на абстрактную параллельную инженерию, они остаются незрелыми, находясь будто бы на доэргодинамической стадии в исследованиях тепла, когда ученые спорили о природе теплорода. Эта незрелая стадия является более продвинутой, чем этап, когда исследованиями занимались алхимики, имевшие слабое представление о химии, и постулировали всевозможные категориальные факторы в своих попытках превратить свинец в золото. Тем не менее абстрактная параллельная инженерия – это не кульминация методологии науки о жизни, а этап на пути к более строгой, реалистичной и научной методологии, подобно переходу от теории теплорода к термодинамике.

Я предложил здесь шаги по созданию альтернативы этой методологии абстрактной параллельной инженерии. Ключевые моменты такой альтернативной методологии можно кратко представить следующим образом.

Эргодинамичность, а не абстрактность: все теории являются абстракциями. Тем не менее, чтобы поставить категорию живого на твердый фундамент (*ground*) физики и тем самым преодолеть разрыв между нежизнью и жизнью, физической работой и усилием, эффективной причиной и конечной причиной, физической отзывчивостью и семиотической отзывчивостью, наши теории не должны абстрагироваться от физической работы.

Эмергентность (emergent), а не параллельность: мы должны преодолеть искушение использовать дуализм, даже в его криптокартезианском варианте, который постулирует существование таинственных субстанций и силы, таких как информация или знаки. Вместо этого мы должны объяснить семиотическую отзывчивость с момента ее возникновения как специфическую категорию явлений, возникающих не из чего иного, как из физической химии, подчиняющейся физическим законам.

Органическая дифференциация, а не инженерная сборка: механизмы собираются из специально изготовленных материальных частей. В отличие от этого, жизнь дифференцируется по мере дифференцировки зигот в процессе развития.

Предложение любой новой методологической парадигмы не имеет большой ценности без примера ее эффективности. Выше я коснулся аналогичных методологических сдвигов в других и смежных областях.

Примером использования предлагаемой здесь альтернативы той самой абстрактной параллельной инженерии могут служить работы Терренса Дикона. Будучи лабораторным биологом, на которого повлияли работы Пирса, Дикон применил эмергентный подход (*from-the-emergence approach*) для объяснения того, что можно назвать *логогенезом*, эволюцией языка [The Symbolic Species, 1997], а также того, что можно назвать *телеогенезом*, появлением и природой самости (self) и усилия [Incomplete Nature, 2011]. В настоящее время Дикон готовит книгу о том, что можно

назвать *синергезом*, возникновении синергии в иерархических переходах (см. краткое изложение в: [Deacon, 2022], а также в статье «Как молекулы становятся знаками» [Deacon, 2021]¹.

*Перевод с английского А.В. Бутаковой,
под научной редакцией И.В. Фомина.*

Список литературы

- Ashby W.R. Principles of the self-organizing system // Principles of self-organization: Transactions of the University of Illinois Symposium / Von Foerster H., Zopf Jr. G.W. (eds.). – London, 1962. – P. 255–278.
- Barbieri M. Code Biology – A New Science of Life // Biosemiotics. – Dordrecht, 2012. – Vol. 5, N. 3. – P. 411–437.
- Chalmers D. The hard problem of consciousness // The Blackwell companion to consciousness / Velmans M., Schneider S. (eds.). – Blackwell Publishing, 2007. – P. 225–235.
- Deacon T.A. Degenerative Process Underlying Hierarchic Transitions in Evolution // Biosystems. – 2022. – Vol. 222. – URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0303264722001514> (дата обращения: 14.05.2023).
- Deacon T. How Molecules Became Signs // Biosemiotics. – Berlin, 2021. – Vol. 14. – P. 537–559.
- Deacon T. Incomplete Nature: How mind emerged from matter. – New York : Norton, 2011. – 602 p.
- Deacon T. Symbolic Species: The coevolution of language and the brain. – New York : Norton, 1997. – 527 p.
- Deacon T. Semiotics and cybernetics: the relevance of C.S. Peirce // Sanity and signification: essays in communication and exchange / System and Structure Study Group (eds.). – London, 1976.
- Dennett D. Darwin's Dangerous Idea: Evolution and the Meanings of Life. – New York : Simon & Schuster, 1995. – 586 p.
- Douven I. The Art of Abduction. – Cambridge, MA : MIT Press, 2022. – 370 p.
- Gleick J. The Information: A History, a Theory, a Flood. – N.Y. : Random House, 2011. – 544 p.
- Goodenough U. The Sacred Depths of Nature. – New York : Oxford University Press, 2022. – 288 p.
- Haig D. Abstract of Biosemiotics Glade presentation // LSE website. – London, 2021. – June 17. – URL: <https://www.lse.ac.uk/philosophy/events/david-haig-harvard-making-sense-information-and-meaning-foundations-of-evolutionary-theory-seminar/> (дата обращения: 14.05.2023).
- Hoffmeyer J. Biology is Immature Semiotics // Toward a Semiotic Biology: Life is the action of signs / Emeche C., Kull. K. (eds.). – London, 2011. – P. 43–65.
- Hoffmeyer J. Why do we need a semiotic understanding of life // Beyond Mechanism: Putting Life Back into Biology / Henning B.D., Scarfe A.C. (eds.). – MD, Lanham, MD, 2013. – P. 147–168.
- Kull K. Choosing and learning: semiosis means choice // Sign Systems Studies. – Tartu, 2018. – Vol. 46, N 4. – P. 452–466.
- Kull K. The Biosemiotic Fundamentals of Aesthetics: Beauty is the Perfect Semiotic Fitting // Biosemiotics. – Berlin, 2022. – Vol. 5. – P. 1–22.
- Pattee H. How Does a Molecule Become a Message? // LAWS, LANGUAGE and LIFE. – Dordrecht, 2012. – Vol. 7. – P. 55–67.

¹ См. также реферат статьи: [Остапенко, 2022]. – *Прим. науч. ред.*

- Romero Jr.A. When whales became mammals: the scientific journey of cetaceans from fish to mammals in the history of science // *New Approaches to the Study of Marine Mammals* / Romero A., Keith E.O. (eds.). – Croatia ; Rijeka, 2012. – P. 3–31.
- Rosenblueth A., Wiener N. The Role of Models in Science // *Philosophy of Science*. – MD, Baltimore: The Williams & Wilkins Company, 1945. – Vol. 12, N 4. – P. 316–321.
- Sharov A., Tonnessen M. *Semiotic Agency: Science beyond Mechanism*. – Cham : Springer, 2021. – 372 p.
- Wheeler J.A. Information, Physics, Quantum: The Search for Links // *Complexity, Entropy, and the Physics of Information* / Zurek W.H. (ed.). – Redwood City, CA, 1990. – P. 354–368.
- Zimmer C. *Life's Edge: The Search for What It Means to Be Alive*. – New York : Dutton (Penguin Random House), 2021. – 386 p.
- Вернадский В.И. Письма Н.Е. Вернадской (1886–1889). – Москва : Наука, 1988. – 304 с.
- Дарвин Ч. Происхождение видов. – Москва : ОГИЗ – Сельхозгиз, 1937. – 608 с.
- Лотман Ю.М. Семiosфера. – Санкт-Петербург : Искусство–СПБ, 2000. – 704 с.
- Остапенко Г.И. Как молекулы становятся знаками? (Реферат) // *Наст. изд.*
- Платон. Сочинения : в 4 т. – Санкт-Петербург : Изд-во С.-Петерб. ун-та : Изд-во Олега Абышко, 2007. – Т. 2. – 626 с.

Sherman J.¹

Biosemiotics' Greatest Potential Contribution to Biology

Abstract. Encouraging biologists to factor semiotics into their research is likely to fall on deaf ears because they already factor it in through an accepted life science methodological standard I will call *Abstract Parallel Engineering (APE)*. Biosemiotics' most significant contribution to biology – a contribution that biologists would come to depend upon – would be a more rigorous alternative methodology to APE through a proof-of-concept explanation for how semiotics – here defined as beings making functional interpretive effort – can emerge within nothing but physical phenomena. It would explain organisms' struggle for existence *ergodynamically* (i.e., a change in likely physical work) that results in work (effort) that works (functions) to keep a chemical system working (a being) in semiotic response to their workspace (interpretation).

Keywords: definitions of life; emergence; abduction; interpretation; semiotics; categorization.

For citation: Sherman J. (2022). Biosemiotics' Greatest Potential Contribution to Biology.

METHOD: *Moscow Quarterly Journal of Social Studies*, 2 (4), P. 123–152.
<http://www.doi.org/10.31249/metodquarterly/02.04.08>

References

- Ashby W.R. (1962). Principles of the self-organizing system. In: *Principles of self-organization: Transactions of the University of Illinois Symposium* / Von Foerster H., Zopf Jr.G.W. (eds). L., pp. 255–278.
- Barbieri M. (2012). Code Biology – A New Science of Life. *Biosemiotics*, 5 (3), 411–437.
- Chalmers D. (2007). The hard problem of consciousness. In: *The Blackwell companion to consciousness* / Velmans M., Schneider S. (eds.). Blackwell Publishing, pp. 225–235.

¹ **Jeremy Sherman**, independent researcher, PhD in evolutionary epistemology (Berkeley, California, USA), e-mail: js@jeremysherman.com
© Sherman J., 2022

- Darwin C. (1937). *The Origin of Species*. Moscow: OGIZ – Selkhozgiz. 608 p. (In Russ.)
- Deacon T. (1997). *Symbolic Species: The coevolution of language and the brain*. N.Y.: Norton. – 527 p.
- Deacon T. (2011). *Incomplete Nature: How mind emerged from matter*. – N.Y.: Norton. – 602 p.
- Deacon T. (2021). How Molecules Became Signs // *Biosemiotics*, 14, 537–559.
- Deacon T. (2022). Degenerative Process Underlying Hierarchic Transitions in Evolution // *Biosystems*, 222. URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0303264722001514> (accessed: 14.05.2023).
- Deacon, T. (1976). Semiotics and cybernetics: The relevance of C.S. Peirce. In: *Sanity and signification: essays in communication and exchange / System and Structure Study Group (eds.)*. L.
- Dennett D. (1995). *Darwin’s Dangerous Idea: Evolution and the Meanings of Life*. – N.Y.: Simon & Schuster. 586 p.
- Douven I. (2022). *The Art of Abduction*. MA, Cambridge: MIT Press. 370 p.
- Gleick J. (2011). *The Information: A History, a Theory, a Flood*. N.Y.: Random House. 544 p.
- Goodenough U. (2022). *The Sacred Depths of Nature*. N.Y.: Oxford University Press. 288 p.
- Haig D. (2021). Abstract of Biosemiotics Glade presentation // LSE website. URL: <https://www.lse.ac.uk/philosophy/events/david-haig-harvard-making-sense-information-and-meaning-foundations-of-evolutionary-theory-seminar/> (accessed: 14.05.2023).
- Hoffmeyer J. (2011). Biology is Immature Semiotics. In: *Toward a Semiotic Biology: Life is the action of signs / Emeche C., Kull. K. (eds.)*. London, pp. 43–65.
- Hoffmeyer J. (2013). Why do we need a semiotic understanding of life. In: *Beyond Mechanism: Putting Life Back into Biology / Henning B.D., Scarfe A.C. (eds.)*. – MD, Lanham, pp. 147–168.
- Kull K. (2018). Choosing and learning: Semiosis means choice. *Sign Systems Studies*, 46 (4), 452–466.
- Kull K. (2022). The Biosemiotic Fundamentals of Aesthetics: Beauty is the Perfect Semiotic Fitting. *Biosemiotics*, 5, 1–22.
- Lotman Y.M. (2000). *Semiosphere*. S. Petersburg: Art-SPB, 2000. – 704 p. (In Russ.)
- Ostapenko G.I. (2022). How molecules become signs? (Abstract) // *Nat. ed.* (In Russ.)
- Pattee H. (2012). How Does a Molecule Become a Message? *LAWS, LANGUAGE and LIFE*, 7, 55–67.
- Plato. (2007). *Works in four volumes*. St. Petersburg: Ed. SPbSU; Oleg Abyshko publishing house. 626 p. (In Russ.)
- Romero Jr.A. (2012). When whales became mammals: the scientific journey of cetaceans from fish to mammals in the history of science. In: *New Approaches to the Study of Marine Mammals / Romero A., Keith E.O. (eds.)*. Croatia, Rijeka, pp. 3–31.
- Rosenblueth A., Wiener N. (1945). The Role of Models in Science // *Philosophy of Science*, 12 (4), 316–321.
- Sharov A., Tonnessen M. (2021). *Semiotic Agency: Science beyond Mechanism*. – Cham: Springer. 372 p.
- Vernadsky V.I. (1988). *Letters to N.E. Vernadskaya (1886–1889)*. Moscow: Nauka. 304 p. (In Russ.)
- Wheeler J.A. (1990). Information, Physics, Quantum: The Search for Links. In: *Complexity, Entropy, and the Physics of Information / Zurek W.H. (ed.)*. CA, Redwood City, pp. 354–368.
- Zimmer C. (2021). *Life’s Edge: The Search for What It Means to Be Alive*. N.Y.: Dutton (Penguin Random House). 386 p.

Шаров А.А.¹

Как интегрировать биосемиотику с биологией и физикой?

Аннотация. Традиционная биология и физика игнорируют наличие смысла и целеполагания в живых и искусственных системах, и эта онтологическая брешь может быть закрыта биосемиотикой – дисциплиной, интегрирующей биологию и семиотику и фокусирующей на понятиях знака, интерпретации и семиотического агента. Агенты способны действовать целенаправленно и использовать знаки для информированного выбора действия. Помимо организмов, агентами являются автономные части организма, суперорганизмы и искусственные устройства. Развивая идеи Патти, я предполагаю, что агенты возникли из физического мира в форме протобиологических систем, представляющих элементы памяти (переключатели), регулируемые богатым функциональным контекстом отношений с окружающей средой. Возможно, это были воспроизводящиеся молекулы, похожие на коэнзимы и способные заселять микрокапли углеводов в воде и окислять их поверхность. Первые реакции метаболизма формировали среду обитания, способствующую воспроизведению молекул коэнзимов. Эта модель похожа на «липидный мир», но не зависит от существования первичного бульона. Редукция семиотических агентов к физике, предложенная в статье Шермана, представляется нецелесообразной, поскольку возникновение конечной причинности – это длительный и многоступенчатый процесс, включающий естественный отбор. Физические модели применимы только к отдельным стадиям и компонентам этого процесса и, следовательно, не могут объяснить становление конечной причинности.

Ключевые слова: знаковый процесс; интерпретация; агентность; контекст; биосемиотика; происхождение жизни.

Для цитирования: Шаров А.А. Как интегрировать биосемиотику с биологией и физикой? // МЕТОД : московский ежеквартальник трудов из обществоведческих дисциплин: ежеквартал. науч. изд. / под ред. М.В. Ильина ; ИНИОН РАН, центр перспект. методологий соц.-гуманит. исследований. – М., 2022. – Вып. 12. – Т. 2, № 4. – С. 153–160. – DOI: 10.31249/metodquarterly/02.04.09

Биосемиотика родилась как результат поиска смысла и целесообразности в живых системах. Ее основоположником можно считать Якоба фон Икскуля [von Uexküll, 1957; von Uexküll, 1982], который утверждал, что

¹ Шаров Алексей Александрович, доктор биологических наук, консультант Elixirgen Scientific, Baltimore, USA, e-mail: sharov@comcast.net

© Шаров А.А., 2023.

смысл существует не только в сознании человека, но и в живых организмах, включая те, которые не имеют нервной системы. В 1960-х годах Патти [Pattee, 1967; Pattee, 1969] независимо переоткрыл существование смысла в живых организмах. В то же время идеи Иксюля стали известны в англоязычных странах, в основном благодаря научным работам Себеока [Sebeok, 1972; Sebeok, 1976].

Встает вопрос: какое именно свойство организмов делает их носителями смысла? Шаров и Тённесен считают, что этим свойством является семиотическая агентность, определяемая как «способность действовать целенаправленно и использовать знаки для информированного выбора действия» [Sharov, Tønnessen, 2021, p. 153]. Агентом обычно считается человек в силу наличия свободы воли, но в биосемиотике семиотический агент – это обобщение понятия организма:

«Агент – это более общее понятие, чем организм, и включает части организма с автономными функциями, такие как органы, клетки, внутриклеточные органеллы и функциональные молекулярные комплексы, а также – суперорганизменных агентов, таких как колонии, популяции или симбиотические консорции... Агентами также являются искусственные автономные устройства (роботы, компьютеры), паразитические вирусы и компьютерные вирусы» [Sharov, Tønnessen, 2021, p. 205].

Хотя не все семиотические агенты живые, все они зависят по происхождению и / или по функции от живых организмов. Поэтому предлагаемый подход не противоречит основному тезису биосемиотики о том, что границы семиозиса совпадают с границами жизни [A semiotic..., 1984; Theses on..., 2009].

Критический для биосемиотики вопрос: как отличить не-знаковые физические и химические процессы от знаковых процессов (т.е., семиозиса)? Ховард Патти [Pattee, 1967] ответил на этот вопрос, используя понятие неголономных условий. По его мнению, живая система функционирует в силу того, что она создает неголономные граничные условия (т.е. структуры со степенями свободы, превышающими размерность траектории системы), в которых только и возможно ее существование. Необходимость такой самоподдерживающей обратной связи через структуры с высокой размерностью вряд ли вызывает сомнения; но является ли это условие достаточным?

Патти [Pattee, 1967] указал, что неголономные условия необходимы для энзиматического катализа, осуществляющего операцию включения-выключения, т.е. наиболее простого измерения (классификации). В силу этого выключатель не моделируется детерминистически и требует вероятностного описания. Физическими примерами являются диссипативные структуры (пламя, ураганы и химические смеси с диффузией и катализом). Но изолированный выключатель нельзя считать живой системой, и потому наличие неголономных условий не является достаточным условием жизни и семиозиса. Размножение тоже не является достаточным условием жизни; например, растущие и ломающиеся кристаллы или делящееся пламя неспособны к адаптивной эволюции. Поэтому Патти выдвигает более сильное требова-

ние: «Молекула становится знаком [message] только в контексте расширенной системы физических условий, которые я назвал “языком”» [Pattee, 1969, p. 8]. В качестве примера Патти предлагает гипотезу о том, что жизнь могла возникнуть в экосистемах, в которых компоненты-переключатели спонтанно преобразуются в клеткообразные структуры без изначально заданных генетических инструкций или метаболического контроля.

Удивительно, как мало новых открытий в теории происхождения жизни появилось в течение полувека со времени написания статьи Патти. Можно назвать теорию аутопоэзиса [Maturana, Varela, 1980], основанную на понятии функциональной замкнутости, что близко по смыслу к неголономности. Теория РНК-мира [Gilbert, 1986] соответствует возможной промежуточной стадии эволюции живых систем [Bernhardt, 2012], но в отношении возникновения жизни она была шагом назад в направлении геноцентрической парадигмы, которая полностью игнорирует контекстность и смысл – краеугольные камни теории Патти.

Важным открытием была разработка моделей «липидного мира» (ЛМ), которые показали возможность компонентной наследственности, основанной на простых неполимерных молекулах в контексте самоорганизации липидо-образных смесей в воде [The lipid world, 2001]. Первоначальные модели ЛМ были основаны на селективной адсорбции без каталитического изменения ковалентных связей, но оказалось, что эволюция в этих моделях сильно ограничена [Lack of..., 2010]. Однако вскоре появилась модифицированная модель ЛМ [Polymer GARD..., 2005] (которая не была протестирована в статье [Lack of..., 2010]) с возможностью катализа ковалентных связей, в которой этого недостатка нет.

Расширились представления о возможных источниках органических веществ, которые могли бы использоваться протобиологическими системами. Оказалось, что полициклические ароматические углеводороды (ПАУ) – одни из самых обильно встречающихся газообразных органических соединений в космосе, особенно вблизи звезд, богатых углеродом [Ehrenfreund, Cami, 2010; Experimentally tracing..., 2006]. Пути доставки ПАУ на планеты включают метеориты [The first cell membranes, 2002] и космическую пыль; а благодаря гидрофобности ПАУ могут накапливаться в липидных каплях в воде. Эти молекулы могут функционировать в протобиологических системах (например, в ЛМ) для захвата и преобразования энергии фотонов [Deamer, 1992], а также для защиты от ультрафиолетового излучения [The first cell membranes, 2002, p. 374].

Любопытна модель происхождения жизни в форме *автогена* – вирусоподобной системы, способной к самосборке защитной капсулы [Deason, 2021]. Эта модель отвечает требованиям контекстности и самоорганизации, однако ее спонтанная реализация в известных физико-химических условиях проблематична. Для размножения и метаболизма автогена требуется первичный бульон, включающий смесь разнообразных органических соединений (в том числе набор аминокислот, сахаров и липидов) в

физиологических концентрациях, готовую к использованию в качестве ресурса. Но измеренные концентрации органических веществ в неживой природе на много порядков ниже физиологических [Sharov, 2016]. Кроме того, даже если бы первичный бульон был подготовлен неизвестными нам силами, он немедленно бы деградировал за счет перемешивания, гидролиза, фотолиза, окисления и других процессов, прежде чем какие-либо системы, похожие на жизнь, могли в нем появиться путем эволюции.

Существующие данные указывают, что из всех органических веществ только углеводороды (линейные, разветвленные и ароматические, включая ПАУ) были доступными ресурсами в период зарождения жизни [Sharov, 2016], тогда как все остальные органические ресурсы (например, аминокислоты и нуклеиновые основания) должны были быть синтезированы внутри протобиологических систем. Согласно предложенной ранее модели, первичной формой наследственности было сочетание самовоспроизводящихся неполимерных каталитических агентов, например похожих на коэнзимы [Sharov, 2016]. Такая форма наследственности вполне достаточна для появления упрощенных форм естественного отбора. Похожая идея была выдвинута Дайсоном [Dyson, 1999], утверждавшим, что молекулы АТФ (аденозинтрифосфат), функционирующие как энергоносители, были предшественниками нуклеиновых кислот.

Описываемая модель происхождения жизни перекликается с гипотезой Патти о необходимости элементов «памяти»¹ (т.е., переключателей), регулируемых богатым контекстом. Предполагается, что самовоспроизводящиеся каталитические агенты (СКА) модифицируют локальную среду обитания. Они, например, окисляют поверхностный слой молекул углеводородных микрокапель в воде и уменьшают силу поверхностного натяжения. Тем самым они создают контекст, благоприятный для процесса самовоспроизведения за счет самых разнообразных механизмов. Такими механизмами могут быть прикрепление СКА к поверхности микрокапель частично окисленных углеводородов, использование редких органических молекул, прилипших из водной среды, расщепление жирных кислот у поверхности и увеличение вероятности деления капель как примитивный способ размножения. Таким образом создается богатый контекст в динамике клеткообразных структур, как Патти писал в 1969 г. Также очевидно, что такой сценарий – это модификация модели ЛМ.

Предлагаемая гипотеза возникновения жизни и агентности не согласуется с попыткой Джереми Шермана [2022] объяснить целесообразность физикой. Шерман предлагает «более строгую альтернативную методологию... основанную на гипотетическом объяснении того, как семиозис – определяемый здесь как функциональный интерпретирующий ответ – мог бы возникнуть из ничего помимо физической действительности». Он описывает биологическую семантику термином «абстрактная параллельная

¹ Имеются в виду системы с несколькими возможными устойчивыми состояниями.

инженерия» (АПИ), который означает методологию описания зависимостей, механизм которых остается гипотетическим (черный ящик со стрелками) и не дающим убедительного объяснения происхождения жизни. Взамен АПИ Шерман предлагает ограничить биологию экспериментальной биофизикой, где каждый процесс и компонент может быть измерен и манипулирован. Такой подход привлекателен, поскольку он исключает всякую неопределенность (за исключением квантовой). Очевидно, что такая стратегия ограничивает исследование пространством «под фонарем, где светло». Тогда сложные вопросы биологии, такие как происхождение жизни, эволюция и сознание, автоматически исключаются как недостаточно редуцированные к физике. В биологии мы часто ищем ответ на вопрос: «зачем?», в то время как физика позволяет ответить только на вопрос: «как?».

Однако после декларации строго физического подхода Шерман описывает знаковый процесс в духе АПИ, указывая, что все живые организмы должны преодолеть деградацию их устройства и функций за счет борьбы за существование. В данном рассуждении физическая строгость явно отсутствует, так как нет детальной модели организма, его функций, ресурсов и окружающей среды. Шерман неоднократно указывает на роль физической работы как компонента борьбы за существование. Но физическая работа не является целью живого организма, и следовательно – биологическая интерпретация не объясняется чистой физикой. Эволюция живых организмов чаще направлена на экономию энергии и уменьшение физической работы за счет улучшения органов чувств и выбора более эффективных алгоритмов поведения. Следовательно, физическая работа – это только средство (или цена) достижения цели, а не сама цель. Большинство механизмов в живых организмах замещаются в процессе эволюции, развития или обучения. И именно поэтому механический и физический подходы к живому недостаточны и должны быть дополнены семиотическим подходом [Sharov, Tønnessen, 2021, p. 14–15]. Однако Шерман [2022] категорически отказывается от использования комплементарных эвристик и классифицирует подход, основанный на комплементарных эвристиках, как АПИ. Ошибочность такого мировоззрения, типичного для многих физиков, считающих, что законы природы уникальны и всецело объективны, подробно разобрана Бейтсоном [2009] в книге «Разум и природа...», где он показывает, что карта – это не территория, что всецело объективного опыта не существует, что логика плохо моделирует причинные связи и что «два описания лучше, чем одно». Отсылаю читателя к этой книге.

В качестве примера рассмотрим мою фразу, относящуюся к происхождению жизни и процитированную Шерманом: «Объяснение конечной причинности на основе физики (эффективной и формальной причинности)... такой тип объяснения просто невозможен и не нужен». В поддержку моего мнения приведу следующие обстоятельства. Во-первых, существуют сотни моделей происхождения жизни, подавляющее большинство из которых не реалистичны в силу нефизических причин. Во-вторых, любая

модель происхождения жизни описывает лишь одну стадию (или компонент этой стадии) длительного многоступенчатого процесса. Как мы можем утверждать, что конечная причинность возникла именно на этой ступени, а не на какой-то предыдущей или последующей? В-третьих, есть основания предполагать, что конечная причинность возникала постепенно, в течение миллионов, а возможно, и миллиардов лет [Sharov, Tønnessen 2021, p. 142]. В этом случае модель одной стадии (или компонента) не позволяет объяснить, как конечная причинность сводится к физике, а моделирование всех стадий и компонентов приводит к комбинаторному взрыву, поскольку эволюция имеет много возможных исходов на каждой стадии и эти пути комбинируются. В-четвертых, каждая модель должна включать элементы окружающей среды, но мы не знаем, какие элементы описывать и в какой степени подробности. А попытка исчерпывающего описания среды приведет к громоздким моделям, которые больше соответствуют интуиции автора, чем природе.

Альтернативный семиотический подход к объяснению происхождения жизни оказывается более перспективным, несмотря на то что Шерман относит его к категории АПИ. Этот подход предполагает, что конечная причинность возникала постепенно и усиливалась на каждой ступени за счет естественного отбора семиотических агентов, преследующих большое количество взаимосвязанных задач (захват разных ресурсов, разные виды катализа, транспорт молекул, узнавание одних типов молекул другими типами молекул, устойчивость регуляторной сети, возобновление компонентов, размножение и др.). В ходе этой эволюции менялись механизмы как наследственности, так и естественного отбора. Примеры такой эволюции описаны в книге: [Sharov, Tønnessen, 2021].

Список литературы

- Бейтсон Г. Разум и природа: неизбежное единство : пер. с англ. – Москва : Книжный дом «Либроком», 2009. – 248 с.
- Шерман Дж. Важнейший потенциальный вклад биосемиотики в биологию // *Наст. изд. A semiotic perspective on the sciences: Steps toward a new paradigm / Anderson M., Deely J., Krampen M., Ransdell J., Sebeok T.A., von Uexküll T. // Semiotica. – 1984. – Vol. 52, N 1/2, – P. 7–47.*
- Bernhardt H.S. The RNA world hypothesis: The worst theory of the early evolution of life (except for all the others) // *Biology Direct. – 2012. – Vol. 7, N 23. – P. 1–10.*
- Deacon T.W. How molecules became signs // *Biosemiotics. – 2021. – Vol. 14, N 3. – P. 537–559.*
- Deamer D.W. Polycyclic aromatic hydrocarbons: primitive pigment systems in the prebiotic environment // *Advances in Space Research. – 1992. – Vol. 12, N 4. – P. 183–189.*
- Dyson F.J. *Origins of life. – Cambridge : Cambridge University Press, 1999. – 112 p.*
- Ehrenfreund P., Cami J. Cosmic carbon chemistry: from the interstellar medium to the early Earth // *Cold Spring Harbor Perspectives in Biology. – 2010. – Vol. 2, N 12. – P. a002097.*
- Experimentally tracing the key steps in the origin of life: The aromatic world / Ehrenfreund P., Rasmussen S., Cleaves J., Chen, L. // *Astrobiology. – 2006. – Vol. 6, N 3. – P. 490–520.*
- Gilbert W. Origin of life: The RNA world // *Nature. – 1986. – Vol. 319, N 6055. – P. 618.*

- Maturana H., Varela F. Autopoiesis and cognition: The realization of the living. – Dordrecht : D. Reidel Publishing Co. – 1980. – 171 p.
- Pattee H.H. Quantum mechanics, heredity and the origin of life // *Journal of Theoretical Biology*. – 1967. – Vol. 17. – P. 410–420.
- Pattee H.H. How does a molecule become a message? // *Developmental Biology Supplement*. – 1969. – Vol. 3. – P. 1–16.
- Polymer GARD: computer simulation of covalent bond formation in reproducing molecular assemblies / Shenhav B., Bar-Even A., Kafri R., Lancet, D. // *Origins of Life and Evolution of Biospheres*. – 2005. – Vol. 35, N 2. – P. 111–133.
- Sebeok T.A. Perspectives in zoosemiotics. – The Hague : Mouton, 1972. – 188 p.
- Sebeok T.A. Contributions to the doctrine of signs. – Bloomington, IN : Indiana University Press, 1976. – 271 p.
- The first cell membranes / Deamer D., Dworkin J.P., Sandford S.A., Bernstein M.P., Allamandola, L.J. // *Astrobiology*. – 2002. – Vol. 2, N 4. – P. 371–381.
- The lipid world / Segré D., Ben-Eli D., Deamer D.W., Lancet, D. // *Origins of Life and Evolution of Biospheres*. – 2001. – Vol. 31, N 1/2. – P. 119–145.
- Theses on biosemiotics: Prolegomena to a theoretical biology / Kull K., Deacon T., Emmeche C., Hoffmeyer J., Stjernfelt F. // *Biological Theory*. – 2009. – Vol. 4, N 2. – P. 167–173.
- Sharov A.A. Coenzyme world model of the origin of life // *Biosystems*. – 2016. – Vol. 144. – P. 8–17.
- Sharov A.A., Tønnessen M. Semiotic agency. Science beyond mechanism. – Dordrecht : Springer. – 2021. – XXIII, 372 S.
- Vasas V., Szathmari E., Santos M. Lack of evolvability in self-sustaining autocatalytic networks constrains metabolism-first scenarios for the origin of life // *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* – 2010. – Vol. 107, N 4. – P. 1470–1475.
- von Uexküll J. A stroll through the worlds of animals and men: A picture book of invisible worlds // *Instinctive behaviour: The development of a modern concept* / C.H. Schiller (ed.). – New York : International Universities Press, 1957. – P. 5–80.
- von Uexküll J. The theory of meaning // *Semiotica*. – 1982. – Vol. 42, N 1. – P. 25–82.

Alexei Sharov¹

How to Integrate Biosemiotics with Biology and Physics?

Abstract. Traditional biology and physics ignore meaning and goal-directedness in living and artificial systems, and this ontological gap can be filled by biosemiotics – a discipline that integrates biology and semiotics and gets focused on the notions of sign, interpretation, and semiotic agency. Agents can act in a goal-directed way and use signs for informed choice of action. Besides organisms, agents include autonomous parts of organisms, super-organisms, and artificial devices. Expanding ideas of Pattee, I suggest that agents emerged from physical world in the form of first living systems represented by elements of memory (switches) regulated by a rich functional context of relations with the environment. They could have been self-producing molecules similar to coenzymes that were capable of colonizing micro-droplets of hydrocarbons in water and oxidizing their surface. First metabolic reactions formed a habitat that facilitated self-production of coenzyme molecules. This model is similar to the lipid world but it does not depend on the presence of the primordial soup. I do not support the idea of reducing semiotic agents to physics, which is proposed in the article by Sherman, because the emergence of final causation is a long and multi-step process that includes natural selection. Physical models can be applied only to individual stages (or components) in this process, and therefore, cannot explain the origin of final causation.

¹ **Alexei Sharov**, Elixirgen Scientific (Baltimore, U.S.A.), e-mail: sharov@comcast.net

Keywords: sign process; interpretation; agency; context; biosemiotics; origin of life.

For citation: Sharov, A.A. (2022). How to Integrate Biosemiotics with Biology and Physics? *METHOD: Moscow Quarterly Journal of Social Studies*, 2 (4), 153–160. DOI: 10.31249/metodquarterly/02.04.09.

References

- Anderson, M., Deely, J., Krampen, M., Ransdell, J., Sebeok, T.A. and von Uexküll, T. (1984). A semiotic perspective on the sciences: Steps toward a new paradigm. *Semiotica* 52 (1/2), 7–47.
- Bateson, G. (2009). Mind and nature: A necessary unity. Translated from English. Moscow: Book house “LIBROKOM”. (In Russ.)
- Bernhardt, H.S. (2012). The RNA world hypothesis: The worst theory of the early evolution of life (except for all the others). *Biol Direct* 7, 23.
- Deacon, T.W. (2021). How molecules became signs. *Biosemiotics* 14 (3), 537–559.
- Deamer, D.W. (1992). Polycyclic aromatic hydrocarbons: primitive pigment systems in the prebiotic environment. *Advances in Space Research* 12 (4), 183–189.
- Deamer, D., Dworkin, J.P., Sandford, S.A., Bernstein, M.P. and Allamandola, L.J. (2002). The first cell membranes. *Astrobiology* 2 (4), 371–381.
- Dyson, F.J. (1999). *Origins of life*. Cambridge University Press, Cambridge.
- Ehrenfreund, P. and Cami, J. (2010). Cosmic carbon chemistry: from the interstellar medium to the early Earth. *Cold Spring Harbor Perspectives in Biology* 2 (12), a002097.
- Ehrenfreund, P., Rasmussen, S., Cleaves, J. and Chen, L. (2006). Experimentally tracing the key steps in the origin of life: The aromatic world. *Astrobiology* 6 (3), 490–520.
- Gilbert, W. (1986). Origin of life: The RNA world. *Nature* 319 (6055), 618.
- Kull, K., Deacon, T., Emmeche, C., Hoffmeyer, J. and Stjernfelt, F. (2009). Theses on biosemiotics: Prolegomena to a theoretical biology. *Biological Theory* 4 (2), 167–173.
- Maturana, H. and Varela, F. (1980). *Autopoiesis and cognition: The realization of the living*. D. Reidel Publishing Co., Dordrecht.
- Pattee, H.H. (1967). Quantum mechanics, heredity and the origin of life. *Journal of Theoretical Biology* 17, 410–420.
- Pattee, H.H. (1969). How does a molecule become a message? *Developmental Biology Supplement* 3, 1–16.
- Sebeok, T.A. (1972). *Perspectives in zoosemiotics*. Mouton, The Hague.
- Sebeok, T.A. (1976). *Contributions to the doctrine of signs*. Indiana University Press, Bloomington, IN.
- Segré, D., Ben-Eli, D., Deamer, D.W. and Lancet, D. (2001). The lipid world. *Orig. Life Evol. Biosph.* 31 (1–2), 119–145.
- Sharov, A.A. (2016). Coenzyme world model of the origin of life. *Biosystems* 144, 8–17.
- Sharov, A.A. and Tønnessen, M. (2021). *Semiotic agency. Science beyond mechanism*. Springer, Dordrecht.
- Shenhav, B., Bar-Even, A., Kafri, R. and Lancet, D. (2005). Polymer GARD: computer simulation of covalent bond formation in reproducing molecular assemblies. *Orig. Life Evol. Biosph.* 35 (2), 111–133.
- Sherman, J. (2022). Biosemiotics' greatest potential contribution to biology // Nat. ed. (In Russ.)
- Vasas, V., Szathmari, E. and Santos, M. (2010). Lack of evolvability in self-sustaining autocatalytic networks constraints metabolism-first scenarios for the origin of life. *Proc Natl Acad Sci U S A* 107 (4), 1470–1475.
- von Uexküll, J. (1957). A stroll through the worlds of animals and men: A picture book of invisible worlds. In: *Instinctive behaviour: The development of a modern concept* (pp. 5–80). C.H. Schiller, (ed.) International Universities Press, Inc., New York.
- von Uexküll, J. (1982). The theory of meaning. *Semiotica* 42 (1), 25–82.

Чебанов С.В.¹

Встреча физики и семиотики – только семиопозис?²

Аннотация. Полемический отклик А.А. Шарова на статьи Г. Патти, Т. Дикона и Дж. Шермана вызывает ряд вопросов, касающихся как истории биосемиотики (например: что такое «традиционные физика и биология»; какова предыстория семантики в биологии и биосемиотике до работ Г. Патти), так и ее сути. Так, в отношении последней не проясняется выделенность молекулярно-лингвистической биосемиотики Г. Патти на фоне других ее направлений. Отношения же физики и семиотики ограничиваются семиогенезом, так что упускается возможность как изучения физики тела знака (= биологического организма), так и преодоления панисторизма биологии за счет панхроничности семиотики. Также вызывает удивление обвинение Дж. Шермана в ошибочности его мировоззрения: ошибка – это локальное нарушение, в то время как мировоззрение всеохватно, из-за чего оно не может быть ошибочным.

Ключевые слова: А.А. Шаров; Г. Патти; Т. Дикон; Дж. Шерман; традиционная физика; традиционная биология; М. Барбиери; молекулярно-лингвистическая биосемиотика; семиогенез; рефлексология; этология; генетический код; смысл; биосемантика.

Для цитирования: Чебанов С.В. Встреча физики и семиотики – только семиопозис? // МЕТОД : московский ежеквартальник трудов из обществоведческих дисциплин: ежеквартал. науч. изд. / под ред. М.В. Ильина ; ИНИОН РАН, центр перспект. методологий соц.-гуманит. исследований. – М., 2022. – Вып. 12. – Т. 2, № 4. – С. 161–167. – DOI: 10.31249/metodquarterly/02.04.10

Развернутый отклик А.А. Шарова на статьи Г. Патти, Т. Дикона и Дж. Шермана ставит по крайней мере два чрезвычайно важных вопроса: как биосемиотика соотносится с биологией и как она соотносится с физикой? Из этого вытекает еще несколько – как биология соотносится с физикой, как семиотика соотносится с биологией, как семиотика соотносится с физикой. Эти вопросы принципиальны, и именно они позволяют обсуждать другие фундаментальные проблемы.

¹ **Чебанов Сергей Викторович**, доктор филологических наук, профессор кафедры математической лингвистики филологического факультета, Санкт-Петербургский государственный университет, e-mail: s.chebanov@gmail.com, s.chebanov@spbu.ru

² Исследование выполнено за счет гранта РФФИ 22-18-00383 «Междисциплинарные методологические исследования расширенного эволюционного синтеза в науках о жизни и обществе».

© Чебанов С.В., 2022

Свой комментарий Шаров начинает с повествования о появлении биосемиотики и существовании смысла в живых (как следует из контекста, биологических) организмах. При этом в аннотации сказано, что «традиционная биология и физика игнорируют наличие смысла и целеполагания в живых и искусственных системах и эта онтологическая брешь может быть закрыта биосемиотикой...» Получается, что биосемиотика началась с Я. фон Иксюля и была независимо переоткрыта Г. Патти. Ни в коей мере не умаляю заслуг этих двух выдающихся ученых, но с этим невозможно безоговорочно согласиться.

Прежде всего возникает вопрос: что такое «традиционная биология и физика»? Так, в «Философии зоологии» (1800) Ж.Б. Ламарк, выделивший биологию как единую и самостоятельную область знания и давший ей название, обсуждает различие подлинной и мнимой индустрии у животных, разрабатывая при этом вполне биосемиотическую проблематику, а его отсылки к Творцу делают биологию неотделимой от смысла в христианском понимании. Подобным же образом П.Л. Мопертюи, Л. Эйлер, Ж.Л. Лагранж, а затем присоединившиеся к дискуссии Ж.Д.Д'Аламбер, Х. Вольф, И.С. Кёниг, обсуждая ставший фундаментальным для физики (вплоть до квантовой механики, в девиантных версиях которой появляется категория смысла) принцип наименьшего действия, дискутируют как раз о присутствии целеполагания и смысла, причем активно привлекая теологические аргументы. Среди признанных (профессоров и академиков) физиков (в особенности матфизиков и физиков-теоретиков) и биологов (в том числе нейрофизиологов – см. далее), работавших и работающих в последние 100 лет, известно множество тех, кто оперирует категорией смысла.

С учетом сказанного, непонятно, относить ли к «традиционной биологии и физике» сочинения Аристотеля и более поздних авторов. Скорее всего, речь идет о физике и биологии, которые преподаются на профильных факультетах университетов и в старших классах школы. Не лучше ли в таком случае назвать их не традиционными, а школьными, и говорить в этом контексте о новой схоластике?

В обсуждаемом контексте проступают еще некоторые недоопределенности. Так, в процитированной фразе обозначены «живые системы». А что или кто это? Только биологические организмы (это иной тип холонов, чем системы) или не только (а, скажем, психические, социальные, культурные, звездные и т.д.)? Этот вопрос оказывается актуальным, когда в середине этого первого раздела формулируется чрезвычайно важный тезис о том, что «все семиотические агенты... зависят от живых организмов», то есть что биогенное и знаковое кореферентны. А относится ли это к ангелам? Или они не семиотические агенты? Или же они не принимаются во внимание?

Далее возникают вопросы о собственно истории возникновения биосемиотики. Не говоря уже о мифах, сказках, быличках, в которых фигурируют говорящие животные, опыте общения человека с домашними,

домовыми, синантропными и дикими (у охотников и рыбаков) животными, обращении к поведению животных Демокрита и Аристотеля, описаниях бесед с животными, по крайней мере начиная с Лукиана Самосатского, представлениях о «Книге природы» как Втором Завете, медицинской семиотике как части клинической медицины. Проблематика биосемиотики – специальный предмет рефлексологии и нейрофизиологии в целом.

В своей книге «Рефлексы головного мозга» (1863) И.М. Сеченов обсуждает разные типы знаков и символов, вовлеченных в нервную деятельность. Далее рефлексология развивается в трудах таких физиологов, как Ч.С. Шеррингтон и И.П. Павлов, которые создали в числе прочего учение об условных рефлексах, включающее представление о второй сигнальной системе. Продолжателями их дела являлись Н.Е. Введенский и А.А. Ухтомский. На одной из Встреч по биосемиотике – Annual Gathering in Biosemiotics – я задал аудитории вопрос об отношении этих исследований к биосемиотике и получил на него положительный ответ.

Помимо этого периода конца XIX – начала XX вв. был временем активизации интереса к природе, зарождения природоохранного движения, распространения вегетарианства, интереса широкой публики к жизни и поведению животных, на фоне чего были популярны сочинения А. Брема, Э. Сетон-Томпсона, М.М. Пришвина, публику поражала дрессура животных В.Л. Дурова и его последователей.

Совокупность этих обстоятельств, как и представление о символической репрезентации З. Фрейда, буквально толкали к появлению чего-то типа биосемиотики, что и было выражено в концепциях хронотопа А.А. Ухтомского и умвельта Я. фон Иксюля. Так что Иксюль отнюдь не свалился с неба, а находился в плотной среде идей и настроений, которые вели его к формированию его картины мира. При этом он ходил буквально по тем же улицам и учреждениям Санкт-Петербурга, по которым в это же время ходили И.П. Павлов и А.А. Ухтомский.

Были еще по крайней мере две важные точки становления биосемиотики до ее переоткрытия Г. Патти. Во-первых, это интенсивное развитие в период между мировыми войнами этологии, связанное в первую очередь с К. Лоренцем и Н. Тинбергеном (и далеко не только с ними), а во-вторых – «открытие» и расшифровка генетического кода в 1950–1960-е годы. Собственно, уже первая из этих точек зрения дала основания говорить о зоосемиотике (именно так обозначал свои ранние занятия Т. Себеок) как неотъемлемой части биологии, а вторая продемонстрировала универсальность семиотической природы биологических организмов, что стало обсуждаться в 1960–1970-е и даже в 1950-е годы и явилось основанием для осознания биосемиотики как самостоятельной области деятельности благодаря усилиям Т. Себеока, Ф. Ротшильда и Ю.С. Степанова, в частности ее раздела, обозначенного Себеоком как эндосемиотика. На этом фоне осуществляется то, что А.А. Шаров квалифицирует как переоткрытие Г. Патти, а он тоже не падает с неба.

Из краткого абзаца А.А. Шарова не ясно, чем же на этом фоне Г. Патти выделен. Выделен же он тем, что именно он является одним из первых (если не первым) представителем того направления биосемиотики, которое М. Барбьери называет молекулярно-лингвистической или физической биосемиотикой, и смог довольно ясно сформулировать такое понимание сути дела. В такой трактовке исключительность работ Патти и их отношение к сформулированной в заглавии теме становятся совершенно очевидными.

Заключительный пассаж первой части статьи связан, пользуясь словами А.А. Шарова, с критическим для биосемиотики вопросом: как отличить незнаковые физические и химические процессы от знаковых процессов, т.е. семиозиса? На него Г. Патти отвечает требованием неголономности граничных условий, на вопрос о достаточности которых не удастся получить ответ.

Здесь хотелось бы получить другой ответ, основывающийся на принципах семиотики и лингвистики. Если принять, что семиотическое образование имеет два плана организации – план содержания и план выражения, – а семиотические конструкции строятся как сочетания более простых компонентов на основании правил грамматики плана выражения и смысловой совместимости единиц плана содержания, то возможны четыре типа семиотических конструкций: правильные и осмысленные (белые цветы), правильные и бессмысленные (чревоугодливые тензоры), неправильные, но осмысленные (столовая нож) и неправильные и бессмысленные (чревоугодливые тензор). Если эти четыре типа конструкций различимы, то можно говорить о семиозисе, если нет, а их будет только два (правильные и осмысленные наряду с неправильными и бессмысленными), то это будет указанием на то, что объект не имеет семиотической природы. Так, можно принять объекты ньютоновой механики за буквы или слова, а законы механики – за правила грамматики. Тогда будут обнаружены только два типа конструкций – представленные в эмпирическом мире правильные и осмысленные при отсутствии неправильных и бессмысленных.

Тем не менее для ответа на вопрос о наличии семиозиса избирается другой путь и обсуждается необходимость вероятностного описания (а почему не неопределенного? какие есть основания считать, что частоты имеют предел в качестве вероятности?), адаптивной эволюции (без экспликации того, что это такое) и возникновения жизни в экосистемах (но экосистемы вроде бы и есть сообщества живых организмов).

Последний пассаж самый показательный – связь физики и семиотики выстраивается на основании того, что физические образования порождают биосемиотические. На этом, собственно, и заканчивается рассмотрение отношения физики и семиотики.

Следующие две части статьи (т.е. в сумме более ее трех четвертей) посвящены вопросу происхождения жизни и места в этом процессе семиопозиса. Все это относится к сфере гипотез и значимо или незначимо

именно в этом качестве. По поводу этой части хотелось бы сделать несколько замечаний, как предметных, так и методологических.

Во-первых, неочевидно, что есть основания возлагать надежды на полициклические ароматические углеводороды (ПАУ) как на источник органических веществ для протобиологических систем. С одной стороны, они распространены в межзвездных газах. С другой стороны, – они достаточно инертны и в этом отношении не очень подходят для организации метаболизма, так что их роль в метаболизме не очень понятна.

Во-вторых, если делать допущение о том, что «первичный бульон был подготовлен неизвестными нам силами», то точно так же можно допустить, что «системы, похожие на жизнь, могли в нем появиться путем эволюции», невзирая на все препятствующие этому процессы.

В-третьих, в развиваемой логике можно в качестве предшественников нуклеиновых кислот рассматривать не только аденозинтрифосфат (АТФ), но и аденозиндифосфат (АДФ) и аденозинмонофосфат (АМФ), а также гуанозинтрифосфат (ГТФ), гуанозиндифосфат (ГДФ), гуанозинмонофосфат (ГМФ) и т.п.

Вызывает категорические возражения утверждение об *ошибочности* мировоззрения Дж. Шермана. Такого в принципе быть не может. Ошибка – это локальное (хотя она может иметь глобальные последствия) нарушение исполнения тех или иных операций, невыполнение эксплицированных правил, подмена данных и т.д., т.е. она локальна, эксплицирована и допускает точечное исправление. Если же речь идет о мировоззрении, то оно глобально, не подлежит исправлению за счет локальных вмешательств, и если это действительно мировоззрение, то оно не верифицируемо и не фальсифицируемо, а может быть неэффективным, бесплодным, неэвристичным, но ни в коем случае не ошибочным.

При этом неочевидно, что в качестве средства исправления мировоззрения будет наиболее эффективна книга Бейтсона «Разум и природа» – различие карты и территории неплохо разъясняет география, проблема несуществования всецело объективного опыта подробно разбирается в диалектике субъективного и объективного Гегелем, а вопрос о том, что логика плохо моделирует причинные связи, требует особого обсуждения (как и вопросы о нефизических причинах и конечной причинности).

Проблема в том, что, строго говоря, логика занимается только силлогистическими умозаключениями, принципиально алокативными и ахроническими. Если же похожие на силлогические умозаключения относятся к тому, что описывает пространственные или / и временные отношения, то речь идет не о логике, а об общей теории дедуктивных умозаключений. Так, умозаключение: «Петр никогда не выезжал из СПб. Павел никогда не приезжал в СПб. Значит, Петр и Павел никогда не встречались» не является логическим, а это умозаключение о сущем, то, что иногда называется логикой вещей. В таком случае возникает вопрос о том, к чему относятся суждения о причинах – к логике в узком смысле слова или к логике вещей.

В зависимости от ответа на этот вопрос можно соглашаться или не соглашаться с обращением к нефизическим причинам – либо все причина нефизические (так будет с точки зрения понимания причин в качестве алокативных и ахронических как категории традиционной логики); либо причины могут быть физическими, химическими, биологическими и т.д., и тогда речь идет о логике вещей, которая к классической логике отношения не имеет. В каком смысле тогда понимать утверждение о том, что «конечная причинность возникла постепенно в течении миллионов... и миллиардов лет»? В этом случае имеет место и какая-то субстантивация причины и можно рассматривать ее происхождение, т.е. нечто с совершенно неизвестными свойствами.

Подводя итог сказанному, приходится констатировать определенное разочарование: оказалось, что встреча физики и семиотики не совсем состоялась – они столкнулись и ушли в сторону – выяснять не как им взаимодействовать, а кто кого породил. Такое положение дел воспринимается как упущение возможностей – по крайней мере двух.

Во-первых, биология упускает возможность уйти от панисторизма, поскольку семиотика (как европейская, соссюрская, так и американская, пирсовская, да и русский авангард начала XX в.) сформировалась как дисциплина в первую очередь панхроническая, ахроническая и синхроническая, а лишь локально диахроническая, и биосемиотика унаследовала это в момент зарождения.

Во-вторых, физика (включая в нее, следуя западной традиции, и химию) растрчивает себя на проблемы генезиса, а не занимается делами более насущными и для общей семиотики, и для биосемиотики в частности.

Дело в том, что проблема тела знака, законосителя (sign vehicle) не разработана в европейской семиотике де Соссюра. В «Курсе общей лингвистики» эта проблема относится к внешней лингвистике и тем самым подвергается уничижению. В американской пирсовской семиотике она также не разработана, хотя в этом есть внутренняя потребность, вытекающая из необходимости описывать прагматику коммуникативной ситуации.

Так или иначе тела знаков демонстративно не изучаются семиотиками, предоставляющим заниматься ими физикам, химикам, биологам и т.д. Тела же эти оказываются очень разнообразными – это и пигменты, нанесенные на поверхность камня, пергамента или бумаги, и звуковой столб человеческого голоса или музыкального инструмента, написанные цветными дымами буквы на небе, цветовые пятна или запахи и т.д. Можно ли выявить общие физико-химические свойства перечисленных знаков, или можно говорить только о типологии тел знаков? Если можно говорить только о типологии тел знаков, то можно ли соотнести их с коммуникативными ситуациями, в которых они используются, так, чтобы в процессе беседы из ртов собеседников не вырывались валуны с начертанными на них словами или чтобы не ставить на тысячелетия памятник, сделанный из папиросной бумаги? Все это – вопросы, которые должны исследоваться

физиками, на основании чего инженеры-конструкторы будут выдавать свои инструкции по выбору оптимальных для той или иной коммуникативной ситуации тел знаков.

Биологические организмы и традиции их изучения являются уникальными в обсуждаемом контексте. Собственно, организм и является в этом случае телом знака, и вся предшествующая биология занималась изучением именно его. При этом можно говорить о том, что организм как тело знака особенно гостеприимен для смысла, что дает основания выделять их в качестве семантофоров. Так, ДНК как часть организма способна обеспечить не только передачу наследственных свойств, но за счет лактам-лактимной и амин-иминной таутомерии азотистых оснований обеспечить минимальный гарантированный уровень изменчивости. Выявлять и систематизировать подобные свойства семантофоров в биосемиотике могут именно физики и химики, но об этом не говорят ни Г. Патти, ни А.А. Шаров, ограничиваясь лишь обсуждением семиогенеза. Именно поэтому и возникает вопрос: «А состоялась ли встреча?»

Sergey Chebanov¹

Physics' and Semiotics' Meeting is Only Semiopoeisis?

Abstract. A.A. Sharov's polemical response to the articles by G. Patti, T. Deacon and J. Sherman raises a number of questions concerning both the history of biosemiotics (such as what is “traditional physics and biology” or the prehistory of semantics in biology and biosemiotics before G. Patti's works) and its essence. Thus, with regard to the latter, the separateness of G. Patti's molecular linguistic biosemiotics against the background of its other directions is not clear. The relations between physics and semiotics are limited to semiogenesis, so that the possibility of both studying the physics of the body of the sign (= biological organism) and overcoming the panhistoricism of biology at the expense of the panchronicity of semiotics is missing. The accusation of J. Sherman in the fallacy of his world outlook is also surprising: an error is a local violation, while the world outlook is all-encompassing, which is why it cannot be erroneous.

Keywords: A.A. Sharov; G. Patti; T. Deacon; J. Sherman; traditional physics; traditional biology; M. Barbieri; molecular-linguistic biosemiotics; semiogenesis; reflexology; ethology; genetic code; meaning, biosemantics.

For Citation: Chebanov S.V. (2022). Physics' and Semiotics' Meeting is Only Semiopoeisis? *METHOD: Moscow Quarterly Journal of Social Studies*, 2 (4), 161–167. DOI: 10.31249/metodquarterly/02.04.10.

¹ **Sergey Chebanov**, Doctor of Philological Sciences, Professor, Department of Mathematical Linguistics, Faculty of Philology, Saint-Petersburg State University, e-mail: s.chebanov@gmail.com, s.chebanov@spbu.ru

ОСНОВАНИЯ СОЦИАЛЬНЫХ ПРАКТИК, ДИСКУРСОВ И СЕМИОЗИСА

DOI: 10.31249/metodquarterly/02.04.11

Фомин И.В.¹

Ограничение, стандартизация и габитуация в интерпретирующих системах.

Как представить логономический аспект социального семиозиса?²

Доклад³

Аннотация. Под логономическими знаками предлагается понимать социально сконструированные знаки, которые обеспечивают передачу и воспроизводство правил социального семиозиса, которые определяют, кто может производить какие знаки при каких обстоятельствах. Использование категорий из семиотической теории Чарльза Пирса позволяет представить функционирование логономических знаков как процесс, состоящий из трех фаз: фазы логономического понимания, фазы логономической актуализации и фазы логономической габитуации. Логономический семиозис важен для эволюции социосемиотических систем, так как он обеспечивает наследуемость и стандартизацию социальных привычек, оставляя при этом место и для диверсификации и делая возможным появление новых интерпретаций и новых решений. В качестве рамки для анализа логономических знаков предлагается использовать схему RAMCETO (Regime, Agents, Modality, Circumstances, Effect, Then, Or else). Понятие логономического знака перекликается со многими уже существующими в социальных науках терминами, но является ценным, обеспечивая концептуальный интерфейс между семиотикой и социальными науками.

Ключевые слова: логономический знак; логономические системы; логономические правила; социальная семиотика; динамический интерпретант; финальный интерпретант.

Для цитирования: Фомин И.В. Ограничение, стандартизация и габитуация в интерпретирующих системах. Как представить логономический аспект социального семиозиса? Доклад // МЕТОД : московский ежеквартальник трудов из обществоведческих дисциплин: ежеквартал. науч. изд. / под ред. М.В. Ильина ; ИНИОН РАН, центр перспект. методологий

¹ **Фомин Иван Владленович**, кандидат политических наук, участник проекта «Междисциплинарные методологические основания расширенного эволюционного синтеза в науках о жизни и обществе» на базе ИНИОН РАН, e-mail: fomin.i@gmail.com

² Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 22-18-00383.

³ В основу текста легло выступление на семинаре Центра перспективных методологий социально-гуманитарных исследований ИНИОН РАН, состоявшемся 8 сентября 2021 г., а также материалы статьи: [Fomin, 2022].

Понятие *логономической системы* было введено в оборот в книге Роберта Ходжа и Гюнтера Кресса «Социальная семиотика» [Hodge, Kress, 1988]. Они использовали эту категорию, называя логономическими системами такие наборы правил, которые предписывают производство или получение тех или иных смыслов в тех или иных обстоятельствах и определяют, кто может участвовать в общении, по какому поводу, в каких обстоятельствах и в каких модальностях [Hodge, Kress, 1988, с. 4].

Ходж и Кресс также указывают на то, что логономические системы сами по себе – это наборы сообщений. То есть они воспроизводятся тоже через семиотические продукты. Это особенно важно, так как то методологическое решение, о котором пойдет речь ниже, во многом является вариантом развития этой идеи. Я попробую ввести понятие *логономического знака*, т.е. такого знака, который отвечает за воспроизводство логономических систем. Я буду главным образом опираться на модель семиозиса Чарльза Пирса и на его систему триадических «кайнопифагорейских» категорий. В меньшей степени буду отсылать к самой известной пирсовской триаде, разделяющей знаки на иконические, индексальные и символические знаки, – и больше буду говорить о его типологии интерпретантов. На мой взгляд, именно пирсовская триадическая типология интерпретантов открывает много возможностей для семиотического теоретизирования, которые вообще еще не в полной мере использованы.

Что же это за триада интерпретантов? Вообще, по Пирсу, интерпретант – это любой эффект, который производится знаком. Рассуждая о трех видах интерпретантов, Пирс указывает на то, что таких эффектов можно различить три вида. Первый вид – это *начальный интерпретант* (Initial Interpretant), т.е. некоторый эффект, который знаковое средство производит, воздействуя на ум интерпретатора. Второй вид интерпретанта – это *динамический интерпретант* (Dynamical Interpretant). Так Пирс именуется фактическое событие, которое происходит вследствие функционирования того или иного знака. Наконец, *финальный интерпретант* (Final Interpretant) – это та привычка, которая порождается функционированием того или иного знака (CP 4.536; ILS 285) [Peirce, 1933; Peirce, 2014]. Соответственно, эта триада интерпретантов вписывается в общую рамку кайнопифагорейских категорий Пирса: *исходный* интерпретант соответствует Первичности, *динамический* – Вторичности, *финальный* – Третичности.

Как же мы можем эту триаду интерпретантов использовать для того, чтобы прояснить, как функционируют логономические системы? Если мы посмотрим более внимательно фрагмент, где Пирс вводит саму эту типологию, то можно заметить, что когда он рассуждает о динамическом интерпретанте, то приводит пример работы логономических систем: Пирс

называет динамическим интерпретантом действие, которое производит взвод солдат, реагируя на военные команды (ILS 285) [Peirce, 2014]. Что здесь важно: эффект, который производится военной командой, – это не столько какой-то материальный эффект, сколько некоторое *осмысленное* действие, которое возникает как реакция на некоторое сообщение. То есть фактически, когда Пирс рассуждает о знаках, которые порождают осмысленные акты как динамические интерпретанты, он говорит как раз о тех самых сообщениях, за счет которых функционируют логономические системы, ведь логономические системы – это и есть наборы сообщений, которые предписывают некоторые акты семиозиса.

Отталкиваясь от этого, мы можем, используя все ту же пирсовскую систематику интерпретантов, более детально концептуализировать те фазы, которые возникают в функционировании *логономических знаков*. Но сначала я попробую сформулировать определение самого понятия логономического знака.

Логономическими знаками я предлагаю назвать такие знаки, которые ограничивают социальный семиозис, определяя, какие знаки, кем и при каких обстоятельствах производятся. Тут важно понимать, что это не обязательно какие-то особые, специальные знаки, отличные от всех остальных, это, скорее, один из аспектов функционирования знаков вообще. Просто некоторые знаки в некоторых условиях работают как логономические.

Возвращаясь к пирсовской триаде интерпретантов, я предлагаю выделять в функционировании логономических знаков три фазы. Соответственно, первую фазу я называю *логономическим пониманием* (или *логономической интерпретацией*). Это та фаза функционирования логономических знаков, которая заключается в производстве их начальных интерпретантов, т.е. пониманием их смысла. То есть в первой фазе логономические знаки функционируют так же, как любые другие знаки, – вызывая некоторый эффект в уме интерпретирующего. Здесь нет ничего специфически логономического, но это важная фаза, которая обеспечивает реализацию последующих двух.

Соответственно, вторая фаза – это уже производство фактического семиотического события, которое выступает как динамический интерпретант логономического знака. То есть это некоторый акт семиозиса, который возникает как результат реализованного предписания, которое содержится в логономическом знаке. Эту фазу можно назвать фазой *логономической актуализации*.

И, наконец, третья фаза – это фаза *логономической габитуации* или *воспроизводства*. Она, соответственно, может быть соотнесена с финальным интерпретантом по Пирсу. То есть это тот аспект логономического семиозиса, который связан с производством и воспроизводством семиотических привычек в результате интерпретации и актуализации различных логономических знаков.

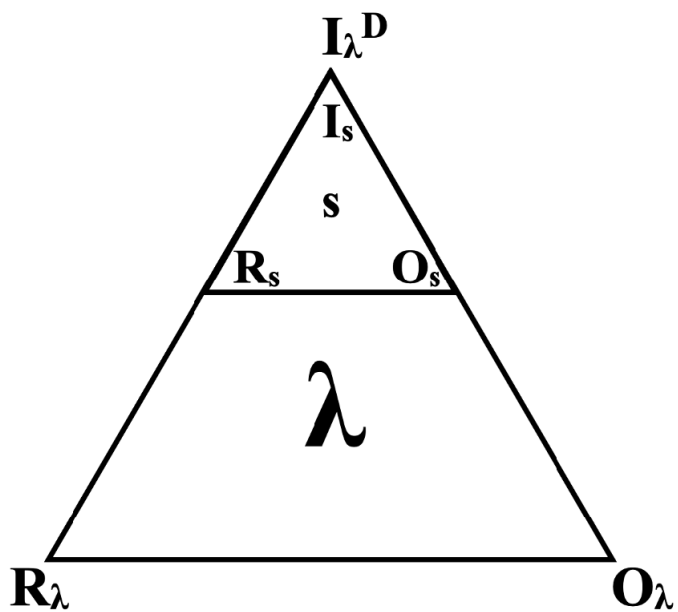


Рис. 1.
Схема логономической актуализации

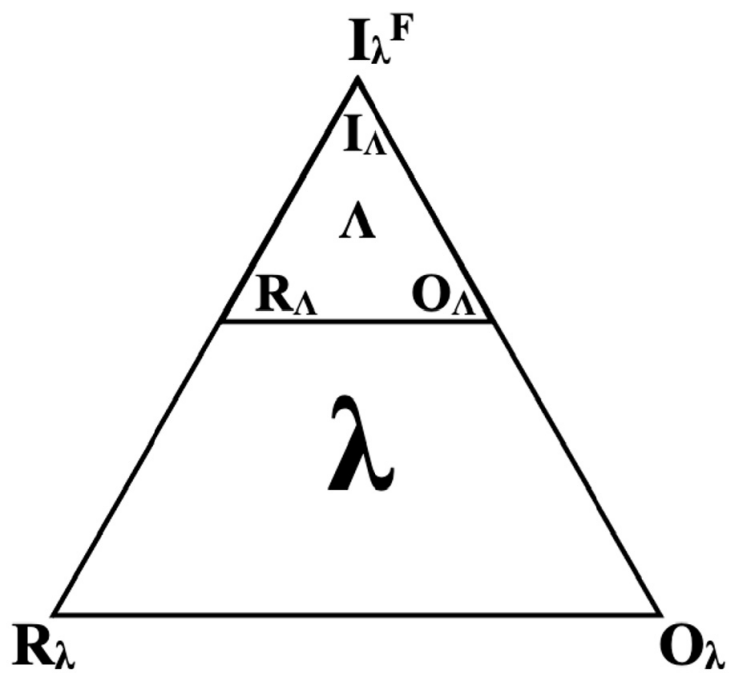


Рис 2.
Схема логономического воспроизводства

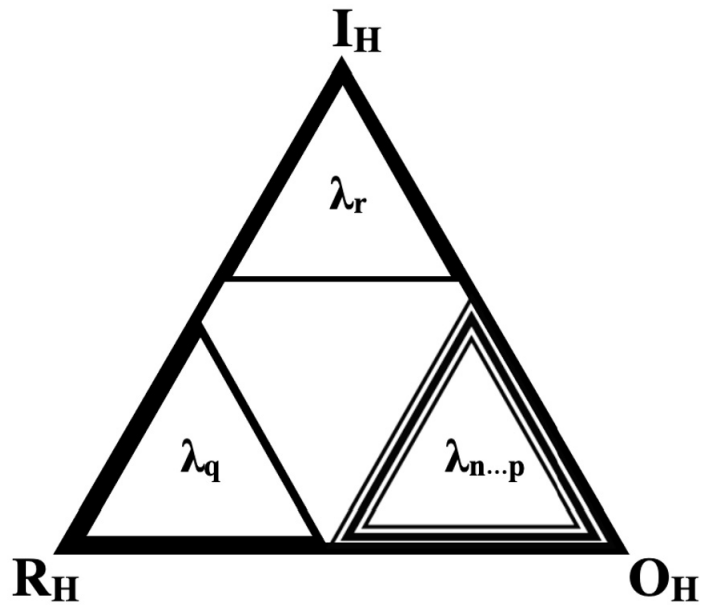


Рис. 3.

**Схема логономического воспроизводства
как иконического семиозиса**

Если попытаться представить это более наглядно (рис. 1), то если, предположим, существует логономический знак λ как единство знакового средства R_λ , интерпретанта I_λ и объекта O_λ , то его начальный интерпретант (его можно было бы обозначить как I_λ^1) – это некоторый ментальный эффект, производимый в уме под воздействием знака. Это фаза логономического понимания.

В фазе же логономической актуализации возникает уже динамический интерпретант. Этот интерпретант – это некоторый знак-токен s , который производится в качестве динамического интерпретанта (I_λ^D) логономического знака λ .

Наконец, фаза логономической габитуации – это фаза, когда эффектом интерпретации логономического знака λ становится производство или воспроизводство некоторого финального интерпретанта (I_λ^F), которым выступает некоторая привычка Λ (в терминах Пирса такую привычку можно назвать *типом*).

Фазу логономического воспроизводства можно также представить как иконический семиозис (рис. 3), в котором интерпретируемый в данный момент логономический знак λ_q появляется как репрезентатив, иконически отсылающий к схожим логономическим знакам в прошлом $\lambda_{n...p}$, тем самым порождая схожий логономический знак λ_r в будущем.

Таким образом, в фазе понимания интерпретантами выступают некоторые ментальные эффекты (*тоны*), в фазе актуализации интерпретантом выступает некоторый *токен* (*синсайдн*) и в фазе габитуации интерпретантом оказывается некоторый *тип* (*легисайдн*).

Как мне кажется, в качестве следующего шага было бы интересно соотнести эти фазы логономического семиозиса с рассуждениями Калеви Кулля об эволюции семиотических систем. Кулля указывает на то, что любая эволюция предполагает, что у нас в какой-то момент возникают новые решения, эти решения наследуются и становятся наследуемыми привычками. Соответственно, можно заметить, что в эволюции семиотических систем есть две тенденции. С одной стороны, тенденция к *диверсификации*, потому что возникают новые решения, с другой – тенденция к *стандартизации*, потому что появляются привычки, которые воспроизводятся, наследуются и обеспечивают некоторую стабильность.

Если мы соотнесем логономический семиозис с эволюционной моделью, которую описывает Кулля, то можно отметить, что логономические знаки – это те знаки, которые обеспечивают в социальном семиозисе тенденцию к стандартизации. Однако важно заметить, что если мы рассматриваем логономический семиозис как совокупность всех трех фаз, то здесь есть место и для инноваций, и для диверсификации, не только для стандартизации. Ведь в фазе логономического понимания и в фазе логономической актуализации возможно возникновение новых интерпретантов (начальных и динамических), которые потом уже могут привести к появлению новых привычек. То есть такая модель предполагает, что у нас есть место и для аспекта стандартизации, и для аспекта диверсификации.

Также мне представляется важным соотнести понятие логономического знака с некоторыми другими похожими категориями, которые уже есть в социальных науках. Здесь, в частности, можно увидеть много общего с понятием *института*, который Дугласом Нортон определяется как «ограничение, которое люди создают для придания формы человеческому взаимодействию» [North, 1990, p. 4]. Кроме того, похожие теории о том, как воспроизводятся привычки, можно найти в области социальной феноменологии, в частности у Альфреда Шютца в его рассуждениях о воспроизводстве социальных *конструктов* и *типификации* [Schuetz, 1953, p. 2–3]. Наконец, если мы обратимся к фукотианскому понятию *дискурсивных практик* [Foucault, 1969, p. 153–154], то это понятие тоже оказывается близко к предложенному мной понятию логономических знаков, просто вписано оно изначально в несколько иную концептуальную рамку. Важно также отметить, что, определяя логономические знаки через категорию *ограничения*, мы, соответственно, можем связать логономический семиозис с более общим понятием ограничения (*constraint*), которое является ключевым для биосемиотических теорий, главным образом для концепции итерации Дикона [Deacon, 2011].

И последний вопрос, на котором я хотел бы остановиться, – вопрос о том, как мы, собственно, можем анализировать логономические знаки.

Ходж и Кресс, вводя в оборот понятие логономической системы, дают на этот вопрос ответ только в самом общем виде. Точнее, речь идет даже не о схеме, а о наборе аспектов или компонентов логономических правил. По Ходжу и Крессу, логономические правила могут предписывать (а) либо производство, либо получение смыслов, при этом они предписывают, (б) кто общается, (в) по какой теме, (г) в каких обстоятельствах и (д) в каких модальностях [Hodge, Kress, 1988, p. 4].

Если попытаться это описание логономических правил развернуть в более структурированную схему анализа логономических знаков, то я бы предложил обратить внимание на опыт построения схемы с похожими задачами, которая была предложена Сью Кроуфорд и Элиноор Остром в их работе 1995 г. о грамматике институтов [Crawford, Ostrom, 1995]. Остром и Кроуфорд предлагают пятичастную модель, которую они называют ADICO. Они вырабатывают эту модель как способ описания различных институциональных правил и, соответственно, указывают на то, что такие правила могут быть описаны в пяти измерениях. Из букв, используемых для обозначения этих измерений, и возникает акроним ADICO (Attributes, Deontic, Aim, Conditions, Or else)¹.

На основе схемы ADICO я попробовал выработать схему, которая была бы применима для описания логономических знаков. В итоге получилась семичастная схема, которую тоже можно назвать через аббревиатуру, – RAMCETO: Regime, Agents, Modality, Circumstances, Effect, Then, Or else.

Regime	к какому режиму применяется данное логономическое правило, т.е. предписывает ли оно <i>производство</i> знаков или их <i>получение</i>
Agents	к кому применимо данное логономическое правило
Modality	какова модальность данного логономического правила, т.е. предписывает ли оно «возможность», «обязанность» или «запрет»
Circumstances	когда и где применяется данное логономическое правило
Effect	производство / получение каких знаков предписывается данным логономическим знаком, т.е. какие знаки должны быть произведены в качестве его динамических интерпретантов
Then	какие другие логономические правила применяются далее, когда предписанные логономические правила выполняются
Or else	какие другие логономические правила применяются, когда предписанные логономические правила неуспешны (unhappy) или нарушены

¹ А: ATTRIBUTES – это изменение, которое фиксирует то, по отношению к кому действует описываемое институциональное положение (например, этом может быть описание вроде «18 лет, женщина, высшее образование, опыт работы 1 год» или же описание через конкретную должность, например «президент»).

D: DEONTIC – это «деонтическое» измерение, характеризует институты с точки зрения модальности положений («может», «должен», «запрещено»).

I: AIM – это измерение, описывающее конкретные действия, к которым применяется та или иная модальность (т.е. это измерение фиксирует, что именно «возможно», «должно» или «запрещено»).

C: CONDITIONS – это измерение определяет, когда, где, как и в какой степени действует описываемое положение.

O: OR ELSE – это измерение, которое определяет, какие санкции предусмотрены за невыполнение описываемого институционального положения.

В будущем еще предстоит проверить, насколько хорошо эта схема будет работать на эмпирическом материале. Пока я постарался сделать ее максимально широкой по охвату, чтобы она в принципе позволяла описывать логономические правила в самых разных сферах жизни.

* * *

В заключение еще раз коротко повторю пять ключевых тезисов из доклада, которые мне кажутся особенно важными.

1. Логономический семиозис можно представить как процесс функционирования логономических знаков, т.е. знаков, которые ограничивают социальный семиозис, определяя, кто, при каких обстоятельствах, как и какие знаки производит.

2. Функционирование логономических знаков может быть разделено на три фазы: понимание, актуализация и габитуация.

3. Логономический семиозис важен для эволюции социосемиотических систем, так как он обеспечивает наследуемость и стандартизацию социальных привычек. Вместе с тем он оставляет место и для диверсификации, делая возможным появление новых интерпретаций и новых решений.

4. Понятие логономического знака перекликается со многими уже существующими в социальных науках категориями, но является ценным, обеспечивая концептуальный интерфейс между семиотикой и общественными науками.

5. В качестве модели анализа логономических знаков я предлагаю модель RAMCETO (Regime, Agents, Modality, Circumstances, Effect, Then, Or else).

Дискуссия¹

Михаил Ильин (М. И.): Иван Владленович, скажите, пожалуйста, как соотносятся логономические знаки с моррисовской триадой? Тремя типами знаков – семантическими, синтактическими и прагматическими? Чем-то логономические знаки напоминают прагматические? Являются ли эти логономические знаки особым типом, или это версия прагматических?

Иван Фомин (И. Ф.): В логономических знаках важен прагматический аспект, но, пожалуй, я не могу сказать, что это исключительно прагматические знаки, потому что для них важна и Вторичность, проявляющаяся в аспекте производства динамического интерпретанта. То есть здесь

¹ Дискуссия состоялась на семинаре Центра перспективных методологий социально-гуманитарных исследований ИНИОН РАН 8 сентября 2021 г. Публикуется с сокращениями и уточнениями.

есть и синтаксический аспект тоже, который проявляется в том, что в логономическом семиозисе одни знаки производят другие.

М. И.: Появляется ли еще четвертый? Является ли это четвертым типом, в который все предыдущие упакованы?

И. Ф.: Я думаю, что это все-таки прагматический аспект, который опирается на синтаксический и семантический.

Сергей Чебанов (С. Ч.): Вот, собственно, то, что Иван Владленович рассказывал, у меня предстает как совокупность прагматических маркеров. Прагматические маркеры – это части какой-то большой семиотической конструкции: текста, архитектурного сооружения, чего угодно. В зависимости от того, какое сооружение, такие и будут прагматические маркеры, которые указывают на то, как нужно себя вести, как нужно понимать, какие компоненты важны, какие компоненты менее важны, на что обращать внимание. То есть совокупность этих прагматических маркеров и должна обеспечить выполнение протокола коммуникации.

Здесь надо перекидывать мостик от Пирса, у которого об этом говорится очень волшебным образом, к Остину и Серлю, у которых как раз проявляется представление о том, что прагматика обязательно включает в себя некоторый протокол, его можно называть по-разному: протокол, регламент, сценарий и т.д. И у нас тогда в этом протоколе указывается, каким статусом обладают участники коммуникации, как они должны себя вести, какой у них внутренний мир, ну и все прочее. Вот для того, чтобы это распознавалось лучше, и придуманы и расставляются или не расставляются прагматические маркеры. Если они не расставляются, то тогда мы получаем свободу действий, тогда мы не выдерживаем, точнее, делаем ничем не ограниченным наш сценарий коммуникации в негативной ситуации, расширяем способы понимания. Это с точностью до мелочей совпадает с тем, что говорил Иван.

Например, прагматические маркеры должны обладать особой иконичностью. Они должны быть крупными, они должны быть яркими, быть общедоступными и т.д. Мне представляется, что это можно было бы назвать партитурой прагматических маркеров. Если говорить о партитуре прагматических маркеров, то это будут логономические системы, о чем говорил Иван. Этого будет абсолютно достаточно. Можно смотреть и анализировать, как прагматические маркеры устроены, например, с точки зрения Пирса (пирсовский концепт) или какой-то другой.

Я бы сделал еще одно замечание. Во всяких специализированных текстах – научных, юридических и т.д. – используется интересный момент: эти прагматические маркеры могут намеренно не расставляться, для того чтобы создавать в некотором роде иллюзию нейтрального текста. Но в действительности они там присутствуют – во многом за счет того, что присутствуют некие специфические термины, которые сразу указывают на то, в рамках какой школы, какой концепции написан соответствующий документ. И вот этот момент, связанный с прагматическими маркерами, –

соответственно, интересный аспект логономических систем: они могут быть открытыми и скрытыми. Вот то, что мне хотелось бы сказать по этому поводу.

И. Ф.: Мне кажется, полезно вспомнить, что есть категория прагматических маркеров. Мне кажется, что это понятие – действительно очень близкое к понятию логономического знака. Если вообще не тождественное. Но если попытаться провести какое-то полезное различие между ними, то я бы сказал, что если маркеры обеспечивают выполнение логономических правил, то логономические знаки – еще и доносят эти правила, и воспроизводят их. Но если понимать прагматические маркеры в широком значении, то тогда это одно и то же.

Герман Остапенко (Г. О.): Мне кажется, что Остин действительно в своем тексте о речевых актах очень конкретно к этому подходит. И это мне в моих исследованиях пригодились.

По ходу выступления Ивана Владленовича мне захотелось уточнить один момент. Иван Владленович, когда вы говорите о стандартизации и диверсификации, в некотором виде вы как бы останавливаете время и даете этому процессу какие-то правила, которые неизменны, и хотите получить на выходе какой-то результат. А не так ли получается, что эти правила находятся сами по себе в движении и формируется динамика в динамике? Или это что-то более сложное, не подходящее для такой модели, которую вы предлагаете?

И. Ф.: Видимо, я не очень точно сформулировал свою мысль. Я как раз хотел не останавливать процесс, а показать, что в процессе одновременно присутствуют тенденция к стандартизации и тенденция к диверсификации. Он никогда не останавливается, но важно, что в нем есть место и для элементов, которые стабилизируют процесс, но эта стабилизация не окончательна никогда, а есть фазы, в которых возможно появление новых решений.

Г. О.: Если речь идет о каких-то стандартах, которые составляют эти практики, что-то в привычку, например, мне кажется, что сами по себе стандарты тоже меняются и нужно учитывать, что вы начинаете с одним стандартом, а заканчиваете уже с другим. Это будет делать модель более сложной, но более реалистичной.

И. Ф.: Логономические правила могут выстраиваться в ряды и встраиваться друг в друга, поэтому, действительно, здесь может быть система стандартов по поводу изменения стандартов. Вообще я попытался выделить элементарные элементы, которые потом могут выстраиваться в такие вот более сложные конструкции.

С. Ч.: Вот, к последнему пункту очень частный пример, очень показательный. Потому что он простой. Это описание таксонов в ботанике. Там есть одна в этом смысле логономическая система – обычай таксономических описаний, и он устроен таким образом, что он позволяет все время менять тип логономических описаний и позволяет вводить туда какие-то уникальные вещи. Ну, например, описывать экологические харак-

теристики или описывать какую-нибудь эстетическую сторону дела. А с другой стороны, – у нас есть номенклатура. И вот в логономическом описании есть раздел «название», и он регулируется кодексом ботанической номенклатуры, который чрезвычайно жесткий, и сейчас уже 14-я или 15-я редакция его действует. Это кодекс, который возник еще в XIX в., а в последние годы раз в четыре года пересматривается. И он построен на стандартизации. Один кодекс, нормальный, работает на стандартизации, другой, неформальный, работает на свободу внутри одного и того же текста.

Владимир Авдонин (В. А.): У меня вопрос, навеянный полемикой об общей семиотике, о которой говорится, в частности, Клаудио Родригеса [Rodríguez, 2018].

Эта концепция логономических знаков относится скорее к общей семиотике? Или выходит в специализированные семиотики, в частности социальную семиотику или в использование семиотики в той или иной отрасли знаний?

И в связи с этим еще один дополнительный вопрос. Если это общая семиотика, то, как отмечают, существует проблема соотношения общесемиотической тематики с той семиотической проблематикой, которая возникает в конкретных дисциплинах. И вот здесь, я тоже думаю, может существовать некая проблема. Как перевести проблематику общей семиотики в семиотики разных специализаций?

И. Ф.: В этой работе я пытался двигаться от специальной семиотики, в смысле социальной семиотики, по направлению к общей семиотике. Но не с тем, чтобы там, на уровне общей семиотики, остаться, а с тем чтобы потом иметь возможность спуститься к какой-то другой семиотике, или даже не к семиотике, а, например, к институциональным исследованиям, к социальной феноменологии или к дискурс-анализу. Вообще эта работа сделана в духе представления о том, что семиотика может помочь связать разные семиотические и квазисемиотические методологические системы.

Могут ли здесь возникнуть какие-то проблемы? Проблемы, которые возникали при движении вверх от специальной социальной к общей семиотике, мне кажется, я смог решить. Наверное, возникнут проблемы с тем, как попытаться теперь эти обобщенные схемы вновь насыщать предметной спецификой. Возможно, потребуются какие-то новые типологии логономических знаков, которые будут отражать специфику разных направлений. Но я в ту сторону последовательно не двигался, поэтому мне сложно сказать, какие конкретно там могут быть проблемы.

В. А.: Понятно, спасибо. В целом доклад производит впечатление работы по общей семиотике.

И. Ф.: Я бы сказал, что доклад – про взаимодействия между семиотиками. Ведь большая задача – связать социальную семиотику с пирсовской семиотикой. Конечно, семиотика Пирса ближе к общей семиотике, поэтому да, наверное, это движение в сторону общей семиотики.

М. В.: Владимир Сергеевич, спасибо большое, что вы задали такой вопрос. Но мне как раз и кажется, что то, что мы обсуждаем, не укладывается в эти рамки. Что только рассуждать в терминах общей семиотики или специальной семиотики – непродуктивно.

Мне кажется, Иван Владленович делает что-то совершенно другое. Я позволю себе зайти издалека. То, что я здесь услышал, возвращает меня к нашим проектам и к очень важному принципу, который, собственно, мы и разрабатываем. Будем считать себя его открывателями, хотя понятно, что мы только продолжаем то, что делали многие другие. Этот принцип – принцип комплекс – симплекс трансформации.

Я попробовал бы термины *общий* и *частный* перевести в термины *простой* и *сложный*. С моей точки зрения, общая семиотика – это примитивная семиотика. Это до предела приватизированная семиотика. Из которой все частное выброшено, и в результате остаются какие-то совершенно примитивные схемы.

Понятное дело, что когда Иван Владленович говорит, что это движение в сторону общей семиотики, он прав. Но его концепция остается все-таки слишком специализированной. Нам бы сделать следующий следующий шаг – «перепирсив» Пирса.

Меня, честно говоря, эти треугольнички немножко сбивают с толку. Когда мы с Иваном Владленовичем еще работали над его диссертацией – я был в роли научного руководителя, но выступал, на самом деле, как консультант и критик, – тоже постоянно чувствовалось некое напряжение. Я помню, однажды мы обсуждали как раз разные треугольнички, и я сказал: они же у вас «вращаются». Может быть, это не очень точное слово, но просто было такое ощущение.

Иван Владленович пытается сделать что-то, что можно было бы назвать *динамической семиотикой*. Что я имею в виду? У нас есть разные версии семиотики – примитивная, не очень богатая, общая семиотика и совершенно разбегающиеся, в силу своего богатства, частные семиотики. Так вот, «вращая» треугольнички, мы как раз начинаем улавливать динамику.

Иван Владленович, на мой взгляд, занимается не столько общей и не столько частной семиотикой, сколько переходами. И вот, по-моему, сегодняшний доклад тоже об этом.

Отвечал на вопросы Владимира Сергеевича, вы, Иван Владленович, почти все сказали, только вот и сказали, что это еще и нечто динамическое... совершенно что-то новое, да еще и находящееся «между». Вот чем вы собственно, занимаетесь. Так объяснить было бы точнее всего.

Однако вы не пытаетесь отдельно построить модель динамики, и я понимаю, почему. Потому что вы привыкли к пирсовским триадам. Пирсовские триады – это треугольник, когда он кладется на бумагу. И когда с бумаги он попадает к нам в голову, он остается устойчивой геометрической фигурой. Мне так кажется, что эти привычки – это очень важные инструменты, но они тормозят.

Вот если бы попробовать сделать следующий шаг. Я хочу вам предложить такую фантазию. В последнее время, в последний год, может быть, полтора, я довольно много об этом думал. И вот что я хочу вам предложить, на какую тему подумать. У нас два типа семиотик. Если их редуцировать до вот этого примитива. Это двузначная семиотика, т.е. семиозис по Соссюру, с парой «означаемое – означающее», потом эту соссюрговскую конструкцию спасает Ельмслев, у него появляются план содержания и план выражения. Это ход совершенно фантастический, он многие вопросы в результате решает. Но эта бинарность еще сохраняется. У Пирса же возникают триады – треугольнички. Хотя они не совсем треугольнички. Ведь у Пирса эта триада постоянно «больна» этими переходами.

Если вы вспомните замечательную статью Пирса «Что такое знак?», то она начинается с того, что человек как будто слышит некий свисток, просыпается и совершенно потрясен этим ощущением как таковым. Да – вот она, Первичность. Вот она, Единичность. Можно назвать это точкой, можно назвать моментом, чем угодно. Вот это отправная точка. И потом возникает двоичность – появляется еще что-то. Собственно, здесь возникают соссюрговские означающее и означающее. Появляются функциональные отношения. Появляется структура. Недаром из Соссюра вырос весь структурализм. Но Пирс добавляет еще и третье: у него появляются вещи, связанные с интерпретацией. И появляются те движения, о которых Иван Владленович говорит, которые у Пирса подразумеваются, но не получают никакого отдельного выражения.

Моррис попытался нечто подобное сделать, но не очень отчетливо, когда свел все это в одну триаду. Потом очень хорошо триаду Морриса, кстати, Юрий Сергеевич Степанов проанализировал. Когда он говорил о языке-1, языке-2 и языке-3. И оказалось, что они не существуют сами по себе. Они, так сказать, упакованы друг в друга. Каждый упакован в другой. Тоже был большой шаг вперед, я считаю.

У Юрия Сергеевича семантика чистая, т.е. язык-1 почти может существовать – в виде двухзначных высказываний. Например, снег белый. Почти может существовать. Но на самом деле это не язык. Когда у нас появляется синтактика, появляются какие-то высказывания. И получается язык-2, в который упакован язык-1. То есть семантика, которая упакована в синтактику, и все высказывания эти – просто констатации – *констативы*. У нас есть констативы, но кто это констатирует – совершенно не понятно. Тогда у нас появляется то, что вызвало такое бурное обсуждение сегодня здесь – прагматические маркеры, – и вот у нас уже появляется язык-3.

Добавляется и еще один уровень. Он возможен – все эти прагматические маркеры (я почему-то произношу *маркеры*, но можно произносить *маркеры*). Недаром Иван Владленович вводит понятие *happy / unhappy*, потому что тут, кроме функциональности или релевантности, у нас появляется на прагматическом уровне еще и успешность – в смысле остиновского *happy / unhappy*.

Я не зря задал вопрос и о четвертом типе. Есть ли у нас четвертый тип? И мой ответ такой: отдельного четвертого типа таких знаков, которые можно было бы добавить к моррисовской схеме, нет. И Иван Владленович совершенно определенно ответил, что да, наверное, все-таки логономические знаки – это прагматические плюс еще что-то. Так вот, мой вопрос: что? И ответ будет очень простой, в духе как раз комплекс – симплекс преобразований, сворачивания, упрощения. Что мы видим в результате этих пирсовских преобразований, когда сначала звук свистка – это просто звук, а потом он превращается в обозначение чего-то? Ну, например, что где-то едет паровоз. А на следующем уровне это интерпретация, где уже есть общающиеся. Как здесь у нас сейчас. Я, естественно, ориентируюсь на вас, вы, естественно, ориентируетесь на меня и друг на друга. Да, вот у нас прагматика пошла. И маркеры соответствующие.

Так вот, логономические знаки, по-моему, если их выделять как что-то напоминающее знаки, – фактически позволяют нам соединять разные типы знаков. Тут я снова вспоминаю дискуссию по Вашей, Иван Владленович, диссертации. Тут тоже треугольник крутится. У нас получается, что когда мы поднялись по трем уровням до прагматики и развернули ее, она оказалась не наверху, а внизу. Логономический «знак» можно рассматривать как переход в связке знаков.

И вот мне кажется, что следующей моделькой могло бы стать не что-то в двухмерном пространстве, что очень удобно показывать на бумаге, а что-то, что имеет большее число измерений. Я бы предложил в качестве такой модельки ленту Мебиуса. Почему? Потому что у нас есть некая точка, например свисток, который движется постоянно. У нас есть изнанка, этой точке, этому выражению соответствует содержание, значение. Далее эта точка в результате синтаксических и потом прагматических поворотов – т.е. в силу того, что она попадает в процесс нашего общения, коммуникации, – постоянно проходит по кругу. Но, проходя по кругу, она не возвращается туда же, но возвращается иначе и туда же, а в вывернутое состояние. В вывернутом состоянии в том смысле, что появляется привычка. Привычка появляется не в каждом отдельном, так сказать, моменте, она появляется за счет динамики. Поэтому я бы назвал все ваши опыты *динамической семиотикой*, а не общей или специализированной.

Привычка появляется за счет того, что у нас повторяются эти круги вращения, за счет того, что мы постоянно общаемся друг с другом, то один берет слово, то другой. У нас все эти правила и наши упражнения повторяются, и коль скоро они эффективно – happy / unhappy, удачно / неудачно – проходят этот круг, то то, что обеспечивает нам удачность, и становится привычкой.

Я понимаю, что пока это выглядит довольно смутно. Но мне кажется, что если на эти вещи посмотреть с точки зрения комплекс – симплекс преобразований, причем не просто каких-то моментов этих преобразований, – это простое, это сложное, – а как раз безостановочной динамики, то

это действительно может нас немножко продвинуть. А может, и «много» продвинуть. Возможно, мы могли бы предложить какую-то версию динамической семиотики, а вместе с тем и какую-то версию интерпретации комплекс – симплекс преобразований, – потому что они у нас выглядят просто как какие-то разорванные процедуры, а если они через интерпретации будут соединены, то может получиться что-то более основательное.

Г. О.: Михаил Васильевич, на самом деле я в целом очень с вами согласен. Эта идея, оформленная таким образом, кажется очень перспективной. Единственное – мне кажется, что сами по себе логономические знаки перформативны. Что если мы считаем эти знаки перформативами, мы можем рассматривать их в перспективе *воронки перформативности*. В этой логике мы понимаем, что у нас есть какое-то физическое явление, которое мы начинаем интерпретировать, которое имеет, как луч, начало и, скорее всего, и конец, но этот конец довольно сильно отсрочен, и идет процесс именно симплекс – комплекс преобразований, в каждый момент разный. Грубый пример: гудок паровоза может напугать, но потом ты понимаешь, что ты далеко от паровоза. То есть в этот момент, в момент экзистенции знака, мы сначала его как-то интерпретируем, с большим весом для нас, мы пугаемся, затем мы перестаем пугаться, оцениваем, происходит какая-то редукция смыслов для нас, и так несколько раз. Мы можем видеть наложение большого количества воронок перформативности.

С. Ч.: Реагируя на то, что очертил Михаил Васильевич, я бы сказал, что это будет более сложная штука, чем лента Мебиуса. Я попробую сейчас показать это. Представьте, что если мы намотали на этот гиперболоид вращения ленту Мебиуса, в двух направлениях (рис. 4). Я думаю, что в нашем случае получится такая структура; так что это более хитрая история. Здесь на рисунке – таблица Менделеева, представленная в таком виде.

Еще у меня есть следующее соображение. Если уж так Михаил Васильевич так радикально стал обсуждать поставленную проблему, то я предложил бы обсудить другой аспект этой же проблемы в столь же радикальном виде. А именно. Получилось, что остается вопрос о том, как у нас соотносятся логономические системы и к чему они относятся – к общей семиотике или к социальной семиотике, – т.е. вопрос соотношения части и целого.

Вот что получилось у меня в этом контексте. Каждую категорию мы рассматриваем в четырех разных смыслах. Как собирательную, разделительную, популятивную и вещественную. При этом каждая из них может соответственно описываться в собирательном, разделительном, популятивном и вещественном смысле. Тогда у нас получаются такие соотношения объемов и содержания (рис. 5).

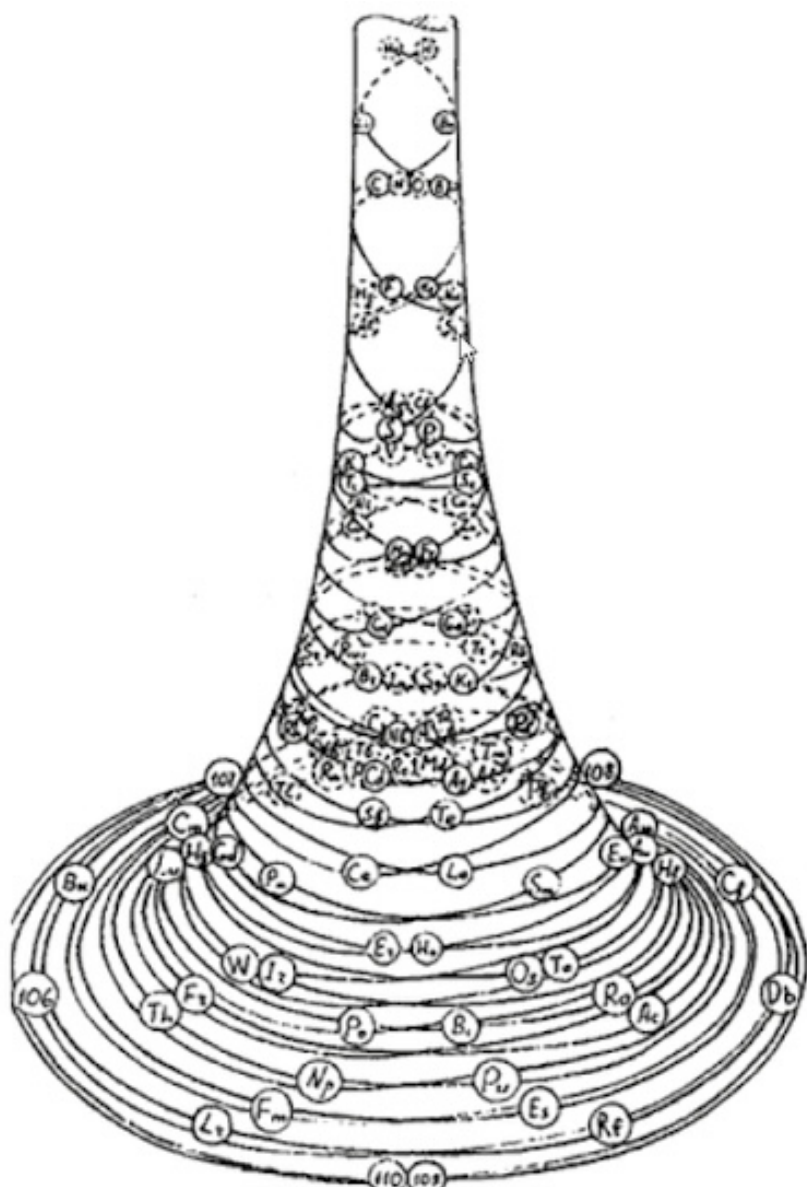


Рис. 4.

ИО – ИС	ЭО – ИС	ИО – ЭС	ЭО – ЭС
Разделительные понятия			
прямое	обратное	прямое крутое	прямое
Собирательные понятия			
прямое	постоянное или прямое	прямое крутое	постоянное или чаще прямое
Вещественные понятия			
нет объема			
Популятивные понятия			
прямое	постоянное или прямое	прямое	постоянное или прямое

Рис. 5.

Отношения между интенциональным (И) и экстенциональным (Э) объемом (О) с интенциональным и экстенциональным содержанием (С) четырех видов понятий

В этом соотношении отношения общей и социальной семиотики весьма нетривиальны. И может стоять отдельная задача аккуратного описания их в категориях объема и содержания. Притом что объемом и содержанием можно заниматься разделительно, собирательно, популятивно и вещественно.

И. Ф.: Я, пожалуй, тожеотреагирую на то, о чем говорил Михаил Васильевич. Я к этим треугольникам отношусь скорее как к «фотографиям», т.е. как к способу статично зафиксировать состояния динамической системы, представить определенную фазу процесса семиозиса. Наверное, можно найти более удачные варианты, в том числе с вращением.

Хотя одного вращения будет недостаточно. Там, с одной стороны, есть вращение, с другой стороны, – есть состояние узлов (углов треугольника). То есть сам узел тоже может находиться как в вывернутом состоянии, так и в прямом. У нас как бы вращается сам треугольник, и вращаются узлы его. В моей версии использования пирсовских триад это представлено в виде встроенных треугольников, но, наверное, можно это показать и через их вращения тоже. (Кстати, у меня тоже, например, есть два разных варианта представления одной и той же фазы – т.е. фаза воспроизводства логономических знаков системы представлена в двух разных разрезах (рис. 2, 3)).

Я думаю, что концепцию Пирса не стоит рассматривать как теорию семиотической статики. Мне кажется, что он как раз боролся с тем же самым и тоже пытался сохранить этот динамизм, концептуально ухватить семиозис как динамический процесс, но представить его через устойчивые, статичные категории. Поэтому у него и возникает целый каскад «треугольников» – чтобы сохранить всю сложность динамического процесса.

С. Ч.: А не будет ли здесь что-то вроде треугольника Серпинского (рис. 6)? Мы строим равнобедренный треугольник, затем проводим все средние линии, выкидываем образовавшийся треугольник. Потом из каждого из трех остатков делаем то же самое, и так до бесконечности.

Это один из классических фракталов. Ковер Серпинского строится на квадратах, а этот – на треугольниках.

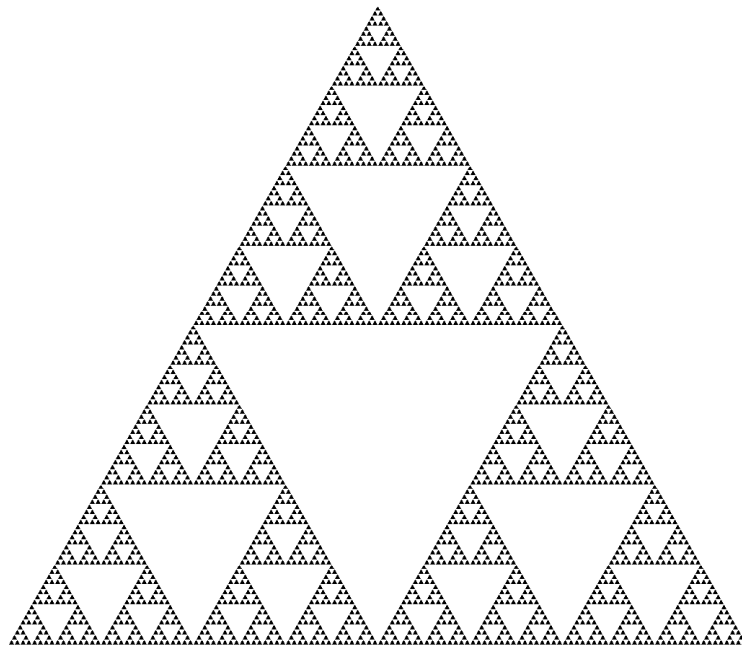


Рис. 6.
Треугольник Серпинского

М. И.: Понятно. Здорово. А вот, Сергей Викторович, когда я вас слушал, подумал – здесь у нас опять получается этот маятник, симплекс – комплекс. Я заставил себя до этой очень простой модельки – ленты Мебиуса – опуститься, а Сергей Викторович тут же начал ее разворачивать: то, что он показывал с таблицей Менделеева, и остальное. Классно получается. Мы на самом-то деле нигде остановиться не можем. И не должны. То есть даже если мы где-то остановимся и где-то опубликуем эту разверточку таблицы Менделеева, мы каждый раз будем должны договариваться, что это лишь момент каких-то иных преобразований, который находится между двумя полюсами предельного упрощения и предельного усложнения. Почему динамика может идти по разным направлениям и т.д., и т.д.?

Получается что-то, действительно напоминающее фрактал, где у нас есть каждый отдельно элементик, треугольничек, предположим, или спиралька, или еще что-нибудь, что многократно фрактально. И если мы вернемся снова к тому, чем оперирует Иван Владленович вслед за Пирсом, то все у нас получается из треугольничков Серпинского, или же из каких-то иных треугольничков. Мы можем весь мир представить как миллиард треугольничков. А потом взять этот миллиард и снова свернуть его в один треугольник. Это ведь и получается комплекс – симплекс преобразование. Они могут быть не просто такой формальный штукой, только для трансфера знания пригодной, но и вообще очень творческим инструментом.

В. А.: Если бы мне поручили разместить нашу дискуссию в каком-то тематическом сборнике, я бы все-таки поместил ее в раздел «Общая семиотика». И идею динамической семиотики, диалектической семиотики, с треугольничками и с лентой Мебиуса, все-таки можно было бы разместить в разделе «общая семиотика». Мне кажется, мы не выдвинулись пока за пределы этого раздела.

А вопрос вот о чем. Как для экономических систем или для экономических знаков всю разработку Ивана Владленовича приспособить? Или, допустим, как ее использовать в политологии? Вот Герман говорил про воронки... С помощью таких воронок можно ли это сделать?

Помню, я читал текст Михаила Васильевича по популизму [Ильин, 2020]. Он там популизм с древнейших времен до XX в. концептуализирует с помощью логономических систем. То есть там дается такое изложение, которое не всех устроило. Помню, мы беседовали на эту тему с рецензентом Иваном Куриллой [Курилла, 2021], у него было много вопросов, он историк-американист. Допустим, введение логономических систем в рассмотрение политической истории США: что это такое? Что это добавит нам в политологический анализ и что это нам даст?

М. И.: Ничего не даст. Не предполагается изучение истории. Историки занимаются своим делом. А это анализ семиотический. Это совершенно другая штука.

В. А.: То есть это нам ничего не даст.

М. И.: Историкам – нет. Историкам это ничего не даст. Историки хотят, чтобы у них была историография. Чтобы они правильно описали источники. И так далее. Это к историографии, к источникам, к 90% того, чем занимаются историки, не имеет отношения.

В. А.: А политологам?

М. И.: С политологами то же самое. Политологи тоже занимаются много чем. Раз это семиотика, то это семиотика. Семиотика может ответить на какие-то – не на все – вопросы историков и не на все вопросы политологов. На какие-то вопросы может ответить так, как те ответить не могут.

Я приведу пример. На самом деле, то, что я вам рассказывал об уровнях семиозиса, выросло из моей попытки реконструировать то, что придумало еще первое поколение американских политологов, Чарльз

Мерриам с Гарольдом Лассуэллом и вся эта компания, Чикагская школа. То, что я сейчас буду рассказывать, не описано нигде. Это моя реконструкция. Но эта реконструкция опирается на тексты Мерриама и Лассуэлла. Они пишут следующее. Всякие политические действия строятся на безусловно принимаемых очевидностях. Очевидности – миф. Мы прекрасно знаем, что в американской политике американцы могут что-то сделать с опорой на объединяющие их очевидности или мифы. Но эти мифы при всей своей очевидности, а может быть, за счет своей очевидности, отчетливо и ясно не понятны, не проявлены. Они всеохватны и расплывчаты. Давайте попробуем разобраться, из чего они состоят. И Мерриам с Лассуэллом делают следующий шаг. Они говорят: они состоят из вещей, которыми восхищаются, и вещей, которыми ужасаются. Миранда и хоррэнда. Оказывается, что миф состоит из множества таких штучек. Но как эти штучки друг с другом связаны, совершенно не понятно.

В. С.: Миф – это нарратив.

М. И.: Нет. Миф – это миф. Миф – это очевидность. Кто-то из нарратологов будет рассказывать, что миф – это наррация. Это не так. Это только очень большая редукция, последующее упрощение мифов, вернее, мифа, с которым надо что-то сделать и который можно представить в виде нарратива. И в результате из мифа исчезнет куча важных вещей. Но что-то очень отчетливое возникнет. С чем можно работать.

С. Ч.: Это легенда.

М. И.: Вот. Это уже будет легенда. А миф – это самоочевидность, по Лосеву – это полное тождество. Тождество всего со всем. Встала из моря с перстами пурпурными Эос. Это и заря, и девушка с пламенеющими руками и пальцами, и богиня Эос, и солнце, и его лучи, и утренние ощущения каждого из нас на берегу моря. Все это равно друг другу и сливается друг с другом. Вот объяснение Лосева.

Но возвратимся к Мерриаму и Лассуэллу. Что они говорят? Раздробили мы миф на такие вещи, которые можно зафиксировать. Они относительно легко поддаются фиксации. Гораздо легче, чем что-нибудь другое. Ужасающее, восхищающее, имеющее какой-то смысл. Вот появляются эти сосюрговские двухсторонние знаки.

Что дальше с этими миранда и хоррэнда делать? С помощью *формулы* (и у них появляется такое понятие – формула) мы можем их складывать в композиции. Вот что это такое? Это синтактика. Это они, сами того не зная, открыли синтактику. Возможно, деле знали, они на Мориса ссылаются пару раз. Но ни на Пирса, ни на Сосюра не ссылаются. У них свой язык.

Итак, они говорят, что миранда и хоррэнда с помощью формулы складываются во что-то, а продукт, который получается в конечном счете, – это большое грандиозное здание, и это здание они называют *доктрина*. Так вот политика предстает в виде доктрины. А дальше потрясающая вещь. Я не помню, кто это написал, то ли Мерриам то ли Лассуэлл, что с этой доктриной уже не один нормальный гражданин разобраться не сможет, но

мы же знаем, что люди с этим обращаются. Почему? Ответ очень простой. Да потому, что как только доктрина построена, она тут же редуцируется, чтобы каждый мог ею быстро и точно воспользоваться. До чего? До мифа! Точнее, уже до эквивалента мифа, который именуется кредента, т.е. то, во что следует верить. Я студентов обычно спрашивал, а что это за кредента, как мы ее иначе называем. После нескольких попыток какой-нибудь умный мальчик или девочка вопит – идеология! Точно, идеология – это операционализация мифа, политической самоочевидности.

По кругу ходим. Мы расшифровали миф. По ходу расшифровки мифа мы прошли какой-то цикл политической динамики, политического развития, провели кампанию, получили практический результат. Мы создали институт. А фактически прошли большой путь к целостной доктрине и редуцировали ее опять до мифа. И так ходим кругами.

Вот она, концепция. Потрясающе! Все это есть у Мерриама и Лассуэлла. Это тридцатые, сороковые годы прошлого века. Но, правда, то, что я вам рассказываю, это моя реконструкция. Но все это у них есть. Они пишут: не верьте всяким нормативным теориям, давайте реально посмотрим на политику, посмотрим, что там происходит. Ну и пошло-поехало. Когда они стали с этим разбираться, они пришли к тому, что политика циклична, это, по сути, циклический процесс смыслообразования.

Вот скажите, Владимир Сергеевич, дает это что-нибудь политологии? Не знаю. В политологии наши коллеги до сих пор не могут этого прочесть и понять. И они до сих пор смысла в этом не видят, точнее, не хотят увидеть. Им проще корреляции посчитать.

В. А.: Согласен, что это совсем другой язык. Если перейти сейчас на современную политологию, это другой язык, совершенно.

М. И.: Но это лучший язык, более эффективный язык, чем то, что несут традиционные и неоинституционалисты... Если вы будете внимательно читать «Систематическую политику» Мерриама [Merriam, 1945] (это последняя его книжка, которую он, уже выйдя на пенсию, написал), вы увидите, что он там энциклопедически пытается свести концы с концами... Если бы мы его читали, то мы бы сказали, что он сильно уходит в усложнение, в то, что мы называем комплекс. А вот то, что я изложил, – это симплекс. Тут уже я из этой сложности мерриамовской пытался какую-то простенькую схемку вытащить.

В. А.: Политика связана с действием. Как миф влияет на действие?

М. И.: У Мерриама с Лассуэллом политика – это жизнь. И нам надо жизнь как-то описать. Понятно и адекватно. А не исходя из предзаданных нормативных схем. Потом уже их ученики создали этот вот бихевиоральный поворот и т.д.

Коллеги, ну что, давайте мы от политологии уже вернемся к нашим сюжетам, связанным с логономическими системами? Мне кажется, что логономический знак и логономическая система – это действительно вещи

подвижные и изменчивые. Фактически это процессы. А схемы – лишь ментальные снимки этих процессов.

И. Ф.: Коллеги, спасибо! Давайте тогда я попробую какое-то завершающее, обобщающее слово сказать.

Из этой дискуссии я для себя выношу, прежде всего, мысль о важности того, чтобы более отчетливо представить логономический семиозис в его фрактальной форме, более ясно представить эти процессы как динамические и показать, что структуры, которые формируются этими динамическими процессами, в итоге устроены как фракталы. У меня, кстати, в рисунках можно эту фрактальность заметить. Но нужно это продумать и проговорить.

На самом деле, как минимум два аспекта у этого есть: первый аспект – это аспект того, как у нас оказываются встроены друг в друга, накручены друг на друга синтактика, семантика и прагматика. И второй аспект – это то, как оказываются накрученными друг на друга, встроенными друг в друга иконические, индексальные и символические знаки, потому что – я на этом не фокусировался особенно – там действительно, есть такой момент, что происходит совмещение иконического принципа и символического. Или, точнее, иконического и типического (легисайнового).

И последнее, наверное, особенно важное, что здесь прозвучало для меня и над чем я постараюсь подумать, проработать, – это мысль о движении между разными специальными семиотиками и общей семиотикой. Действительно, как я сказал, такое движение подразумевается и даже находится в фокусе моего внимания во многом, но пока еще остается много непроясненных деталей.

Еще раз благодарю за интересную и содержательную дискуссию!

Список литературы

- Ильин М.В. Исторические и эволюционные разновидности популистских упований: «На правление народа, с помощью народа и ради народа» // Феномен Трампа / под ред. А.В. Кузнецова. – Москва : ИНИОН, 2020. – С. 104–122.
- Курилла И.И. Феномен Трампа : взгляд российских обществоведов (Рецензия) // Политическая наука. – 2021. – № 2. – С. 300–310. – URL: <https://doi.org/10.31249/poln/2021.02.00>
- Crawford S.E.S., Ostrom E. A Grammar of Institutions // American Political Science Review. – 1995. – Т. 89, N 3. – P. 582–600. – URL: <https://doi.org/10.2307/2082975>
- Deacon T.W. Incomplete nature: how mind emerged from matter. – New York ; London : W.W. Norton & Company, 2011. – 625 p.
- Fomin I. Logonomic signs as three-phase constraints of multimodal social semiosis // Semiotica. – 2022. – Vol. 2022, N 247. – P. 33–54. – URL: <https://doi.org/10.1515/sem-2021-0037>
- Foucault M. L'archéologie du savoir. – Paris : Gallimard, 1969. – 288 p.
- Hodge R., Kress G.R. Social semiotics. – Ithaca, N.Y : Cornell University Press, 1988. – 285 p.
- Merriam C.E. Systematic Politics. – Chicago : University of Chicago Press, 1945. – 349 p.
- North D.C. Institutions, institutional change, and economic performance. – Cambridge ; New York : Cambridge University Press, 1990. – 152 p.

- Peirce C.S. *Illustrations of the Logic of Science* / ed. by C. de Waal. – Chicago : Open Court, 2014. – 352 p.
- Peirce C.S. *The Collected Papers of Charles Sanders Peirce*. – Cambridge : Harvard University Press, 1933. – Vol. 4 : *The Simplest Mathematics* / ed. by C. Hartshorne, P. Weiss. – x, 601 p.
- Rodríguez H.C.J. Productive perils: on metaphor as a theory-building device // *Linguistic Frontiers*. – 2018. – Vol. 1, N 2. – P. 102–111. – URL: <https://doi.org/10.2478/lf-2018-0010>
- Schuetz A. *Common-Sense and Scientific Interpretation of Human Action* // *Philosophy and Phenomenological Research*. – 1953. – Vol. 14, N 1. – P. 1–38. – URL: <https://doi.org/10.2307/2104013>

Ivan Fomin¹

**Constraining, Standardization, and Habituation in Interpretive Systems.
How to Imagine the Logonomic Aspects of Social Semiosis?**

Abstract. Logonomic signs are defined as socially constructed signs that enable the transmission and reproduction of the rules of social semiosis, which determine who can produce what signs under what circumstances. The use of categories from Charles Peirce's semiotic theory makes it possible to imagine the functioning of logonomic signs as a process consisting of three phases: the phase of logonomic understanding, the phase of logonomic actualization, and the phase of logonomic habituation. Logonomic semiosis is important for the evolution of sociosemiotic systems because it enables the inheritance and standardization of social habits, while also leaving room for diversification and making possible new interpretations and new solutions. It is suggested that one use the RAMCETO scheme (Regime, Agents, Modality, Circumstances, Effect, Then, Or else) as a framework for the analysis of logonomic signs. The concept of the logonomic sign resonates with many other terms already existing in the social sciences, but is important as a conceptual interface between semiotics and social sciences.

Keywords: logonomic sign; logonomic systems; logonomic rules; social semiotics; dynamic interpretant; final interpretant.

For citation: Fomin, I.V. (2022). Constraining, Standardization, and Habituation in Interpretive Systems. How to Imagine the Logonomic Aspects of Social Semiosis? *METHOD: Moscow Quarterly of Social Studies*, 2 (4), 168–191. <http://www.doi.org/10.31249/metodquarterly/02.04.11>

References

- Crawford, S.E. S., & Ostrom, E. (1995). A Grammar of Institutions. *American Political Science Review*, 89 (3), 582–600. <https://doi.org/10.2307/2082975>
- Deacon, T.W. (2011). *Incomplete nature: How mind emerged from matter*. W.W. Norton & Company.
- Fomin, I. (2022). Logonomic signs as three-phase constraints of multimodal social semiosis. *Semiotica*, 2022 (247), 33–54. <https://doi.org/10.1515/sem-2021-0037>
- Foucault, M. (1969). *L'archéologie du savoir*. Gallimard.
- Hodge, R., & Kress, G. (1988). *Social semiotics*. Cornell University Press.
- Ilyin, M. (2020). Historic and evolutionary types of populist promise of «government of the people, by the people, for the people». In A. Kuznetsov (Ed.), *The Trump Phenomenon* (pp. 104–122). INION.

¹ Ivan Fomin, independent researcher, e-mail: fomin.i@gmail.com

- Kurilla I. (2021). The Trump phenomenon: the view of Russian social scientists (Review). *Political science*, 2021 (2), 300–310. <https://doi.org/10.31249/poln/2021.02.12>
- Merriam, C.E. (1945). *Systematic Politics*. University of Chicago Press.
- North, D.C. (1990). *Institutions, institutional change, and economic performance*. Cambridge University Press.
- Peirce, C.S. (1933). *The Collected Papers of Charles Sanders Peirce, Vol. IV: The Simplest Mathematics* (C. Hartshorne & P. Weiss, Eds.). Harvard University Press.
- Peirce, C.S. (2014). *Illustrations of the Logic of Science* (C. de Waal, Ed.). Open Court.
- Rodríguez H., C.J. (2018). Productive perils: On metaphor as a theory-building device. *Linguistic Frontiers*, 1 (2), 102–111. <https://doi.org/10.2478/lf-2018-0010>
- Schuetz, A. (1953). Common-Sense and Scientific Interpretation of Human Action. *Philosophy and Phenomenological Research*, 14 (1), 1–38. <https://doi.org/10.2307/2104013>

МЕТОД
МОСКОВСКИЙ ЕЖЕКВАРТАЛЬНИК ТРУДОВ
ИЗ ОБЩЕСТВОВЕДЧЕСКИХ ДИСЦИПЛИН

Выпуск 12
(продолжение серии ежегодников МЕТОД)
Том 2 № 4

Дизайнер (художник) И.А. Михеев
Корректор Я.А. Кузьменко
Компьютерная верстка Л.Н. Синякова

Подписано к печати 15/ X – 2022 г.
Формат 70×100/16 Бум. офсетная № 1 Печать офсетная
Усл. печ. л. 13,3 Уч.-изд. л. 15,5
Тираж 500 экз. (1 – 100 экз. – 1-й завод) Заказ № 179

Институт научной информации
по общественным наукам
Российской академии наук
Нахимовский проспект, д. 51/21, Москва, 117418
<http://inion.ru>

Отдел печати и распространения изданий
Тел.: +7 (925) 517-36-91
e-mail: inion-print@mail.ru

Отпечатано по гранкам ИНИОН РАН
ООО «Амирит»
410004, Саратовская обл., г. Саратов,
ул. Чернышевского, д.88, литера У