Materiallar to’plami · Conference Proceedings

“Iqtisodiy, ijtimoiy va madaniy huquqlarni ta’minlash: global chaqiriqlar va milliy yechimlar(Fuqarolarning iqtisodiy, ijtimoiy va madaniy huquqlari: transmilliy muammolar va ularni hal etish mexanizmlari)”

01 October – 14 November 2026

UDK 57

IQTISODIY, IJTIMOIY VA MADANIY HUQUQLARNI TA’MINLASH: GLOBAL CHAQIRIQLAR VA MILLIY YECHIMLAR

BIOMOLEKULYAR AVTOMATLAR VA YANGI ARXITEKTURALAR

Nodira Xolboyeva*

Buxoro davlat texnika universiteti,PhD

✉ xalbaevanodirabegim@gmail.com

ANNOTATSIYA

Maqolada biomolekulyar avtomatlar va bioilhomlangan arxitekturalar axborot, material hamda funksiya o‘rtasidagi bog‘lanish nuqtai nazaridan tahlil qilinadi. Hisoblash arxitekturasi bilan bino va inshootlar arxitekturasi tushunchalarining farqi ochib berilib, ularni qiyoslash uchun bionik modellashtirishdan foydalaniladi. DNK va RNK asosidagi mantiqiy tizimlar, fermentativ avtomatlar, genetik xotira, DNK origamisi va dasturlanadigan molekulyar tarmoqlarning ilmiy asoslari yoritiladi. Arxitekturaviy bionikada esa biologik shaklning tashqi ko‘rinishidan ko‘ra uning ishlash mexanizmini ajratib olish muhimligi asoslanadi. Namlik ta’sirida shaklini o‘zgartiradigan materiallar va o‘simliklar harakatidan ilhomlangan fasad qurilmalari misolida ushbu yondashuv ko‘rsatiladi. Moddiy va ideal modellar, geometrik hamda funksional o‘xshashlik, simmetriya va yo‘nalishga bog‘liq xossalarning loyihalashdagi vazifalari qiyoslanadi. Tahlil natijasida biologik analogni tanlashdan tortib abstrakt model, fizik realizatsiya va mustaqil tekshirishgacha bo‘lgan izchil tadqiqot tartibi taklif etiladi. Shartli belgilar ketma-ketligini taniydigan avtomat sxemasi ushbu tartibning tushuntiruvchi modeli sifatida beriladi. Maqolaning asosiy xulosasi shuki, bionik yechimning qiymati tabiiy obyektga tashqi o‘xshashlik bilan emas, belgilangan vazifani o‘lchanadigan va takrorlanuvchan tarzda bajarishi bilan aniqlanadi. Ish ilmiy sharh va konseptual tahlil xarakteriga ega; yangi laboratoriya tajribasi yoki qurilish prototipining o‘lchov natijalari taqdim etilmaydi.

Kalit so‘zlar

biomolekulyar avtomat, molekulyar hisoblash, DNK, RNK, bionika, bioilhomlangan loyihalash, hisoblash arxitekturasi, arxitekturaviy bionika, modellashtirish, simmetriya, moslashuvchan materiallar

DOI: 10.5281/zenodo.23771750

KIRISH

Biologik tizimlarda tashqi muhit ta’siri bilan ichki tuzilma o‘rtasidagi bog‘lanish turli miqyoslarda namoyon bo‘ladi. Molekula boshqa molekulani tanishi, hujayra signalga javoban faoliyatini o‘zgartirishi, o‘simlik to‘qimasi esa namlik ta’sirida egilishi mumkin. Muhandislik uchun ushbu hodisalarning ahamiyati ularning ko‘rinishida emas, muayyan sharoitda qanday vazifani bajarishidadir. Arxitekturaviy bionika ham tabiiy obyektlarning shakllanishi va ishlash tamoyillarini loyihalash masalalari bilan bog‘laydi [1, 2].

Biomolekulyar avtomat ana shu yondashuvning axborotni qayta ishlashga tegishli yo‘nalishini ifodalaydi. Bunda kirish signallari, holatlar va o‘tish qoidalari DNK, RNK, oqsil yoki ferment ishtirokidagi reaksiyalar orqali amalga oshiriladi. Molekulyar hisoblashning ayrim tajribalarida algoritmning bajarilishi laboratoriya amallari ketma-ketligiga tayansa, boshqalarida oldindan tayyorlangan molekulyar tizim muayyan hisoblash jarayonini qo‘shimcha bosqichma-bosqich aralashuvsiz bajaradi [3–5].

Mavzuda ishlatiladigan arxitektura atamasi ikki ma’noni qamrab oladi. Hisoblash arxitekturasi komponentlar, axborot oqimi, xotira va operatsiyalarning tashkil etilishini bildiradi. Me’moriy arxitektura esa inson foydalanadigan makon, konstruksiya va muhitning tashkil etilishiga tegishlidir. Ushbu maqola ularni bir

xil texnologiya sifatida emas, biologik tamoyilni texnik vazifaga ko‘chirish usuli orqali qiyoslaydi. Maqsad biomolekulyar avtomatlarning rivojlanishini yoritish va turli miqyosdagi bionik yechimlarni tekshirish uchun umumiy metodik asoslarni aniqlashdir.

ADABIYOTLAR TAHLILI VA METODLAR

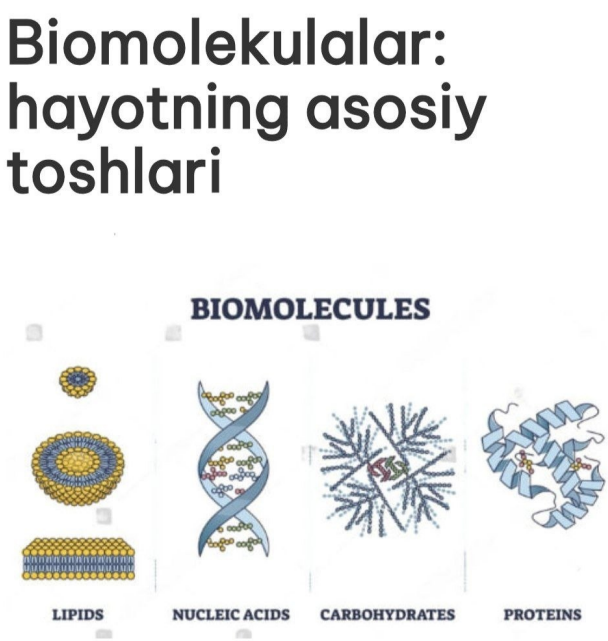
Tahlil uchun molekulyar avtomatlar, nuklein kislotalarga asoslangan hisoblash, o‘z-o‘zidan yig‘ilish va moslashuvchan arxitekturaviy tizimlarga bag‘ishlangan tayanch ilmiy ishlar tanlandi. Arxitekturaviy tushunchalarni izohlashda Qodirova va Raximovning o‘zbek tilidagi darsligidan, funksional analogiyani muhokama qilishda biologik ilhom asosida loyihalash jarayonini tadqiq etgan ishlardan foydalanildi [1, 2]. Tadqiqot narrativ sharh va qiyosiy konseptual tahlil shaklida tuzildi; statistik meta-tahlil o‘tkazilmadi.

Qiyoslash kirish ta’siri, ichki holat, ishlash qoidasi, chiqish javobi va tekshirish mezoni bo‘yicha olib borildi. Bu belgilar turli tizimlarda bir xil fizik mexanizm mavjudligini emas, ularni bir xil savollar yordamida tahlil qilish mumkinligini bildiradi. Manbalarda tajribada ko‘rsatilgan hodisalar bilan maqolada taklif etilayotgan tushuntiruvchi model ajratildi. Samaradorlikka oid sonli ustunliklar yangi o‘lchovsiz umumlashtirilmadi.

NATIJALAR VA MUHOKAMA

Biomolekulalar funksional va axborot tashuvchi material sifatida

Biomolekulalar tirik tizimlarda tuzilma hosil qilish, energiya almashinuvi, kataliz va axborot bilan ishlashda qatnashadi. Nuklein kislotalar, oqsillar, uglevodlar hamda lipidlar shu jihatdan turli vazifalarga ega. 1-rasm ushbu guruhlarni shartli ko‘rinishda jamlaydi. DNK va RNKni hisoblash uchun ishlatishda ularning ketma-ketlikka bog‘liq tanib olish xususiyati muhim bo‘lsa, oqsillar va fermentlar muayyan reaksiyalarni boshqarish yoki katalizlash vazifasini bajarishi mumkin [4–6].



1-rasm. Biomolekulalarning asosiy guruhlari. Lipidlar, nuklein kislotalar, uglevodlar va oqsillar shartli tasvirlangan. Ko‘rgazmali illyustratsiya.

DNK zanjirining ketma-ketligi faqat irsiy ma’lumotni ifodalash bilan cheklanmaydi. Muhandislik sharoitida u qaysi komponent qaysi komponent bilan bog‘lanishi, qanday tuzilma yig‘ilishi va qaysi molekulyar chiqish paydo bo‘lishini belgilaydigan loyihalash vositasiga ham aylanishi mumkin. Biroq axborot saqlaydigan molekulaning mavjudligi o‘z-o‘zidan ishlaydigan kompyuter hosil qilmaydi: ma’lumotni kodlash, operatsiya va chiqishni o‘qish usuli birgalikda tashkil etilishi lozim [4, 8, 12].

Molekulyar hisoblashdan dasturlanadigan avtomatlargacha

Adleman 1994-yilda molekulyar biologiya amallari yordamida yo‘naltirilgan Gamilton yo‘li masalasining muayyan nusxasini yechishni ko‘rsatdi. Bu ish DNK asosidagi hisoblashning muhim tajribaviy bosqichi bo‘ldi, lekin undagi natija inson bajargan laboratoriya amallari bilan ham bog‘liq edi [3]. Shuning uchun ushbu tajribani barcha operatsiyalari mustaqil bajariladigan tayyor universal kompyuter deb talqin qilish to‘g‘ri bo‘lmaydi.

Benenson va hammualliflar 2001-yilda DNK hamda uni o‘zgartiruvchi fermentlardan tashkil topgan dasturlanadigan chekli avtomatni taqdim etdi. Bu yerda hisoblash qoidalari molekulyar komponentlar orqali berilib, tizim tayyorlanganidan keyin belgilangan vazifani avtonom bajarishi ko‘rsatildi [4]. Ularning 2004-yildagi tadqiqotida esa molekulyar axborotni mantiqiy baholash va shartga bog‘liq chiqish hosil qilish imkoniyati gen ekspressiyasi bilan bog‘langan modelda tekshirildi [5]. Mazkur ishlar molekulyar qaror chiqarishning laboratoriya asosini ko‘rsatadi; ular klinik davolashning tasdiqlangan natijasi sifatida olinmaydi.

Seelig va hammualliflar 2006-yilda nuklein kislotalarga asoslangan fermentlarsiz mantiqiy sxemalarni namoyish etdi [6]. Qian va Winfree 2011-yilda DNK zanjirlarining siljishi orqali bir nechta mantiqiy bosqichni ulash mumkinligini ko‘rsatdi [7]. Bu yo‘nalishda alohida reaksiyadan ko‘ra standartlashtirilgan elementlar va ularning o‘zaro mosligi muhimlashadi. Lv va hammualliflarning 2023-yildagi tadqiqoti ko‘p qatlamli DNK asosidagi dasturlanadigan mantiqiy massivlarni bir tizimga birlashtirdi [11]. Natijada yangi arxitektura masalasi reaksiyalar sonini ko‘paytirish bilan birga, ularni qanday ulash va qayta sozlash mumkinligini ham qamrab oladi.

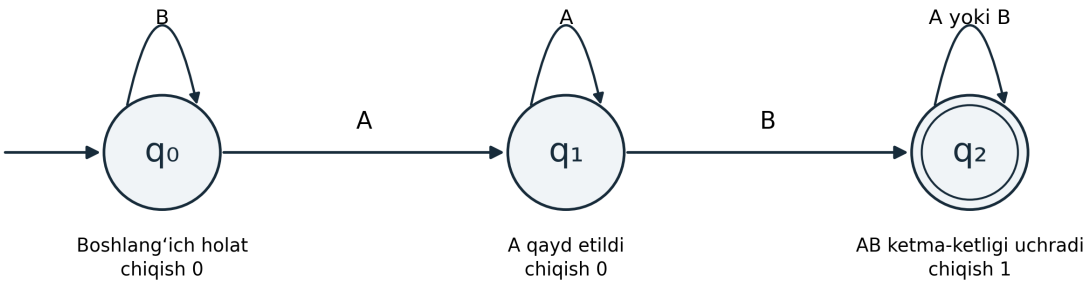
Biomolekulyar avtomatning ishlash tamoyili

Chekli avtomatni tavsiflash uchun kirish belgilarining to‘plami, ichki holatlar, boshlang‘ich holat va o‘tish qoidalari belgilanadi. Molekulyar realizatsiyada kirish nishon molekulaning mavjudligi, ma’lum konsentratsiya oralig‘i yoki uning boshqa komponent bilan bog‘lanishi orqali berilishi mumkin. Holat esa DNK uchining tuzilishi, kompleksning ochiq yoki yopiq konfiguratsiyasi yoxud gen-regulyator tizimdagi barqaror faollik darajasi bilan ifodalanadi [4, 9].

Molekulyar mantiqiy element bilan holatli avtomatning farqini saqlash zarur. Birinchisida chiqish berilgan kirishlar kombinatsiyasiga bog‘liq. Ikkinchisida esa oldin qanday signallar kelgani ichki holatda saqlanib, keyingi javobga ta’sir etadi. Shu sababli har qanday gibridizatsiya reaksiyasi yoki tashqi ta’sirga javoban ochiladigan materialni avtomatik ravishda chekli avtomat deb atash yetarli emas. Holat, xotira va o‘tish mexanizmi aniq ko‘rsatilishi kerak.

DNK zanjirining siljishiga asoslangan tizimlarda kelgan zanjir mavjud kompleks bilan bog‘lanib, undan boshqa zanjirning ajralishiga olib kelishi mumkin. Ajralgan komponent keyingi reaksiyaning kirishiga aylanadi. Shu tarzda molekulyar chiqishlar bog‘langan tarmoq bo‘ylab uzatiladi [6, 7]. Soloveichik, Seelig va Winfree ishida formal kimyoviy reaksiyalar tarmog‘ini DNK reaksiyalari bilan ifodalash uchun umumiy hisoblash yondashuvi berilgan [12]. Bunday sxemalarda axborotni qayta ishlash tezligi bog‘lanish va ajralish kinetikasi, diffuziya hamda komponentlar miqdoriga bog‘liq bo‘ladi.

2-rasmda A va B abstrakt belgilaridan tuzilgan oqimda AB ketma-ketligining uchrashini qayd etadigan avtomat ko‘rsatilgan. Boshlang‘ich q_0 holat A kelganda q_1 ga o‘tadi; q_1 holatda B kelishi q_2 holatni faollashtiradi. q_2 holat shu hodisa yuz berganini saqlaydi. Bu sxema muayyan DNK ketma-ketligi yoki yangi tajriba qurilmasi emas, molekulyar tizimda qanday xotira va o‘tish talabi bajarilishi zarurligini tushuntiradigan modeldir.



2-rasm. AB ketma-ketligi uchrashini qayd etuvchi chekli avtomatning tushuntiruvchi modeli. A va B tartib bilan beriladigan abstrakt kirish belgilari; q_0 va q_1 uchun chiqish 0, q_2 uchun chiqish 1. Sxema ushbu maqola uchun tuzildi.

Modelni fizik tizimga o‘tkazishda belgilarni vaqt bo‘yicha ajratish, ularning ketma-ket kelishini tanish va tasodifiy faollashishni cheklash talab etiladi. Bir idishda ikki molekulaning birgalikda mavjudligini aniqlash tartibni tanish vazifasiga teng emas. Takror foydalanish rejalashtirilsa, tizimni boshlang‘ich holatga qaytarish yoki sarflangan komponentlarni tiklash ham alohida hal qilinadi. Shunday qilib, grafikdagi oddiy o‘q real qurilmada tekshiriladigan kimyoviy mexanizmga mos kelishi zarur.

Yangi hisoblash arxitekturalarining asosiy yo‘nalishlari

Molekulyar arxitekturalarni fon Neyman modeli bilan qiyoslashda funksional va fizik ajratishni farqlash lozim. Oddiy elektron kompyuterda ko‘rsatmalar, xotira va hisoblash o‘rtasidagi almashinuv standartlashtirilgan apparat orqali tashkil etiladi. Molekulyar tizimda esa ma’lumot, qoida va operatsiyalar turli molekulalar yoki ularning konfiguratsiyalarida kodlanishi mumkin. Ularning umumiy muhitda uchrashishi protsessor va xotira vazifalari butunlay yo‘qolganini emas, bu vazifalar boshqa fizik usulda amalga oshirilishini anglatadi [4, 11, 12].

Birinchi yo‘nalish reaksiyalar tarmog‘i orqali taqsimlangan qayta ishlashdir. Unda operatsiya bitta markaziy elementga biriktirilmay, o‘zaro bog‘langan modullar orasida bajariladi. Ikkinchi yo‘nalish fazoviy tashkil etish bilan bog‘liq. Seeman taklif qilgan DNK birikmalari va panjaralari konsepsiyasi hamda Rothemund ishlab chiqqan DNK origamisi molekulalarni oldindan rejalashtirilgan tuzilmalarga yig‘ish uchun asos bo‘ldi [18, 8]. Fazoviy yaqinlik reaksiyalarni tashkil qilish vositasi bo‘lishi mumkin, ammo shaklning o‘zi hisoblash bajarilganini isbotlamaydi.

Uchinchi yo‘nalish xotira va boshqaruvni gen-regulyator tizimlar bilan bog‘laydi. Gardner, Cantor va Collins Escherichia coli hujayrasida ikkita barqaror holatga ega genetik kalitni yaratgan [9]. Green va hammualliflar RNK asosidagi qurilmalarda hujayra ichidagi mantiqiy amallarni tashkil etishni ko‘rsatgan [10]. Bu yondashuvlarda hisoblash metabolizm, molekulalar parchalanishi va hujayra holati bilan uzviy bog‘liq. Shu sababli hujayrali va hujayrasiz tizimlar uchun bir xil texnik baholash shartlarini avtomatik qo‘llab bo‘lmaydi.

1-jadval. Biomolekulyar tizimlarning ayrim arxitekturalari va ularni tekshirish yo‘nalishlari [4, 6–12, 18].

Arxitektura yo‘nalishi	Funksiyani tashkil etish	Asosiy tekshirish masalasi
Fermentativ avtomat	Molekulyar holat va ferment orqali o‘tish qoidalari	O‘tishlarning to‘g‘riligi va oraliq mahsulotlar
DNK mantiqiy tarmog‘i	Zanjirlar o‘rtasida signal uzatish va mantiqiy amallar	Fon signali, kaskad barqarorligi va kirishlar mosligi
Fazoviy DNK tuzilmasi	Komponentlarni oldindan belgilangan geometriyada joylashtirish	Yig‘ilish sifati va tuzilma bilan funksiya bog‘lanishi
Genetik yoki RNK tizimi	Hujayrada holatni saqlash va ekspressiyani boshqarish	Biologik muhit, yuklama va javobning takrorlanishi

Arxitekturaviy bionikada shakldan mexanizmga o‘tish

Arxitekturaviy bionikada tabiiy obyektni tanlash ikki xil sababga tayanishi mumkin. Bir holatda uning tashqi shakli kompozitsion yechimga asos bo‘ladi; boshqa holatda esa yuk ko‘tarish, ochilib-yopilish, namlikni boshqarish yoki modda almashinuvi kabi funksiyasi o‘rganiladi. Birinchi yondashuv estetik jihatdan qiymatli bo‘lishi mumkin, lekin undan ikkinchi yondashuvga xos texnik samaradorlik avtomatik kelib chiqmaydi. Helms va hammualliflar biologik ilhomga asoslangan loyihalash jarayonini muammo yoki biologik yechimdan boshlash mumkinligini ko‘rsatadi [2].

Reyssat va Mahadevan qarag‘ay qubbalarining namlanish va qurishga bog‘liq harakatini tadqiq qilib, turlicha shishadigan qatlamlar orqali shunga o‘xshash egilishni modellashtirgan [13]. Bu yerda qurilmaga ko‘chiriladigan belgi qubbaning tashqi shakli emas, qatlamlar xossasi, yo‘nalishi va namlik bilan bog‘liq deformatsiya mexanizmidir. Biologik analogni aniq mexanizmga ajratish uni boshqa material hamda o‘lchamda tekshirish imkonini beradi.

Reichert, Menges va Correa namlikka sezgir material xossalari orqali muhitga javob beradigan arxitekturaviy sirtlarni o‘rgangan [14]. Flectofold tizimi esa suv o‘simligining harakatidan ilhomlanib, an’anaviy mexanik sharnirlar o‘rniga egiluvchan zonalari bor soyalanish qurilmasini rivojlantirgan [15]. Bu ikki misolning ishlash sababi bir xil emas:

biri namlikka bog‘liq material javobiga, ikkinchisi esa deformatsiyalana oladigan mexanik tuzilishga asoslanadi. Ularni birgalikda faqat tabiiy gulga yoki bargga o‘xshash fasadlar deb izohlash asosiy muhandislik mazmunini yo‘qotadi.

Mazkur yo‘nalishlar materialning o‘zi sezish va harakatlanish vazifalarining bir qismini bajarishi mumkinligini ko‘rsatadi. Shunga qaramay, fizik ta’sirga moslashadigan sirt bilan axborot belgilarini qoidalar asosida qayta ishlaydigan biomolekulyar avtomatni farqlash zarur. Birinchisida funksional javob material mexanikasiga singdirilgan bo‘lishi mumkin; ikkinchisida esa kodlash va holatlar o‘rtasidagi o‘tishning aniq axborot talqini mavjud bo‘ladi.

Model turlari va o‘xshashlik chegaralari

Arxitekturaviy bionikadagi model biologik obyektni to‘liq takrorlashdan ko‘ra loyihalash uchun muhim munosabatlarni ajratib ko‘rsatadi. Qodirova va Raximov darsligida moddiy hamda ideal modellar, shuningdek tasviriy, funksional va aralash modellar muhokama qilinadi [1]. Ushbu tasnifdan foydalanishda modelning tashuvchisi bilan uning vazifasini alohida ko‘rish foydalidir: fizik maket ham tasviriy, ham funksional tekshirish uchun xizmat qilishi mumkin, raqamli model esa shakl bilan birga jarayonni ham ifodalay oladi.

Tasviriy model geometrik munosabat va kompozitsiyani ko‘rsatadi. Funksional model o‘rganilayotgan ta’sirga qanday javob paydo bo‘lishini tekshiradi. Matematik yoki algoritmik model esa sababiy bog‘lanishlar va qoidalarning aniq ifodasini beradi. Biomolekulyar avtomat uchun holatlar grafigi bilan reaksiyalar modeli, moslashuvchan fasad uchun esa geometrik chizma bilan deformatsiya modeli turli savollarga javob beradi. Ularning o‘zaro mosligi amaliy realizatsiyaga o‘tishning zarur shartidir.

O‘lcham o‘zgarganda tashqi o‘xshashlik yetarli bo‘lmaydi. Bir xil geometrik shaklning chiziqli o‘lchami ikki baravar oshirilsa, uning sirt maydoni to‘rt, hajmi sakkiz baravar o‘zgaradi. Massa, egilish, issiqlik almashinuvi va suyuqlik oqimi kabi jarayonlar shunga mos ravishda qayta baholanadi. Buckinghamning o‘lchamlar tahlili fizik o‘xshashlik uchun muhim bo‘lgan o‘lchamsiz munosabatlarni aniqlashga asos yaratadi [16]. Shu sababli bargdagi harakat yoki molekulalar o‘rtasidagi bog‘lanishni faqat ko‘rinishini kattalashtirish orqali bino konstruksiyasiga ko‘chirish mumkin emas.

2-jadval. Molekulyar va arxitekturaviy tizimlar uchun modellarning ishchi tasnifi.

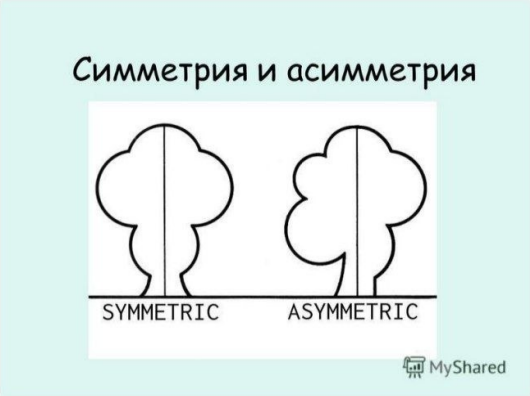
Model	Asosiy savol	Maqbul tekshirish
Geometrik	Elementlar qanday joylashgan?	O‘lcham, nisbat, shakl va montaj mosligi
Funksional fizik	Berilgan ta’sirga qanday javob hosil bo‘ladi?	Mexanik, optik yoki biokimyoviy o‘lchov
Matematik yoki algoritmik	Qaysi qoida natijani belgilaydi?	Hisoblash, mantiqiy muvofiqlik va parametr sezgirligi
Integratsiyalashgan	Alohida modullar birgalikda ishlaydimi?	Umumiy kirish va chiqish, takror sinov va chekka sharoitlar

Simmetriya, asimmetriya va yo‘nalishga bog‘liq javob

Simmetriya ma’lum almashtirishdan keyin obyektning tanlangan xossasi o‘zgarmasligini ifodalaydi. Akslantirish, aylantirish va parallel ko‘chirish turli simmetriya amallaridir. Ularning qaysi biri o‘rganilayotgani aytilmasdan simmetriyani faqat umumiy muvozanat yoki go‘zallik sifatida ta’riflash ilmiy tahlil uchun yetarli emas. 3-rasm akslantirishga nisbatan tashqi kontur simmetriyasini ko‘rsatadi; u funksional xossalarning simmetriyasini o‘z-o‘zidan tasdiqlamaydi.

Asimmetriya bilan anizotropiya ham turli tushunchalardir. Asimmetriya tanlangan simmetriya amaliga nisbatan moslikning yo‘qligini, anizotropiya esa xossaning yo‘nalishga bog‘liqligini bildiradi. Masalan, qatlamlar yo‘nalishi va namlikka turlicha javob berishi sababli material muayyan tomonga egilishi mumkin [13, 14]. Uning tashqi shakli simmetrik bo‘lsa ham, ichki qatlamlanishi bir xil javobni bermasligi mumkin.

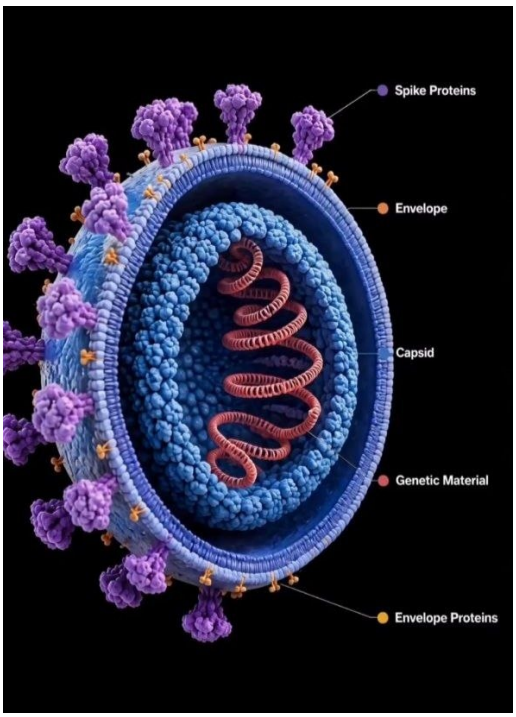
Molekulyar tizimlarda ham kerakli o‘zaro ta’sirni cheklash uchun ulanish domenlari, yo‘nalish va fazoviy joylashuv nazorat qilinadi [8, 18]. Demak, simmetriya barcha tizimlar uchun majburiy maqsad emas. Ayrim vazifalarda muntazamlik bir xil elementlarni yig‘ishni yengillashtiradi, boshqalarida esa oldindan belgilangan farqlanish signalning kerakli yo‘nalishda uzatilishiga yordam beradi. Shakl simmetriyasi, yuk taqsimoti va axborot oqimining simmetriyasi alohida tekshirilishi lozim.



3-rasm. Konturdagi akslantirish simmetriyasi va asimmetriyaning shartli tasviri. Geometrik belgi sifatida berilgan ko‘rgazmali misol.

Tabiiy yig‘ilishdan boshqariladigan materiallargacha

Biologik tizimlarda axborot tashuvchi qism va uni o‘rab turgan strukturaviy qism birgalikda ishlaydi. 4-rasmdagi qobiqli virusning shartli modeli shu farqni ko‘rsatish uchun foydalanilgan: unda nuklein kislota, oqsil tuzilmalari va tashqi qobiq turli vazifalarga ega. Viruslarning genomi hamda qobiq tashkiloti ularning turiga bog‘liq; tasvir barcha viruslar uchun yagona tuzilish standarti sifatida olinmaydi.



4-rasm. Qobiqli virus zarrasining umumlashtirilgan modeli. Tasvirda sirt oqsillari, lipid qobiq, ichki oqsil tuzilmalari va genetik material ajratilgan. Ko‘rgazmali illyustratsiya; biomolekulyar avtomatning tayyor sxemasi emas.

O‘z-o‘zidan yig‘ilish va mantiqiy boshqaruvning bir tuzilmada birlashishi DNK nanomuhandisligida aniqroq ko‘rinadi. Douglas, Bachelet va Church hujayra sirtidagi kirishlarga bog‘liq ravishda konfiguratsiyasini o‘zgartiradigan va molekulyar yukni taqdim etadigan DNK nanorobotini ko‘rsatgan [17]. Bunda foydali belgi robotning odam yoki mexanik manipulyatorga o‘xshashi emas, tanib olish hodisasi bilan strukturaviy javobning bog‘lanishidir. Ushbu tajriba prinsipning ishlashini ko‘rsatadi va klinik qo‘llashning barcha shartlari bajarilganini anglatmaydi.

Qurilish materiallarida biologik komponentdan foydalanishning boshqa yo‘li ham bor. Heveran va hammual-liflar sianobakteriyalar ishtirokidagi gidrogel-qum asosida biominerallashuv va materialni ketma-ket qayta hosil qilish imkoniyatini o‘rgangan [19]. Bu yo‘nalish biologik jarayonning material ishlab chiqarish bilan bog‘lanishini ko‘rsatadi. Biroq tarkibida tirik hujayra borligi material avtomatik ravishda mantiqiy hisoblaydi yoki to‘liq bino tizimini boshqaradi degani emas. Bunday xulosaga kelish uchun alohida signal, qoida va javob dalillari kerak.

Umumiy loyihalash tartibi va tekshirish mezonlari

Qiyosiy tahlil biologik analogdan texnik yechimga o‘tishning izchil tartibini belgilash imkonini beradi. Avval bajarilishi kerak bo‘lgan vazifa aniq yoziladi: masalan, belgilar tartibini tanish yoki berilgan muhit ta’sirida panelning ochilish darajasini o‘zgartirish. Keyin shu vazifaga tegishli biologik mexanizm ajratiladi va uning qaysi xususiyati ko‘chirilishi ko‘rsatiladi. Tabiiy obyektning boshqa, vazifaga aloqasiz belgilarini birgalikda ko‘chirish talab etilmaydi.

Navbatdagi bosqichda ideal yoki matematik model orqali sababiy bog‘lanish ifodalanadi. Shundan keyin material, geometrik o‘lcham, axborot tashuvchi va energiya manbai tanlanadi. Prototip tekshiruvi modeldagi farazlar haqiqiy tizimda bajarilishini ko‘rsatishi kerak. Ushbu tartib Helms va hammualliflar tavsiflagan funksional analogiya jarayoni bilan mos keladi [2], biroq bu maqolada u molekulyar hisoblash va arxitekturaviy bionikani qiyoslash uchun umumlashtirilgan metodik taklif sifatida berilmoqda.

Molekulyar avtomat uchun tekshirish noto‘g‘ri belgilar tartibi, kirish bo‘lmagan holat, fon signali, javob vaqti va takror foydalanish imkoniyatini qamrab oladi. Fasad prototipida esa tashqi ta’sir, ochilish darajasi, sikllar davomida barqarorlik va mexanik cheklovlar baholanadi. Har ikki vaziyatda yangi yechim odatiy muqobil bilan bir xil vazifa va chegaralarda taqqoslanishi lozim. Shunda murakkab biologik analogdan foydalanish qo‘shimcha foyda beradimi yoki faqat ishlab chiqarishni qiyinlashtiradimi, degan savolga javob olish mumkin bo‘ladi.

3-jadval. Turli miqyosdagi bionik yechimlarni qiyoslash uchun taklif etilayotgan mezonlar.

Mezon	Molekulyar tizim	Arxitekturaviy tizim
Kirish va chegara	Signal turi va uning tanlangan darajasi	Namlik, yorug‘lik yoki boshqa tashqi ta’sir oralig‘i
To‘g‘rilik	Kutilgan holat yoki chiqish hosil bo‘lishi	Berilgan ta’sirda kerakli deformatsiya va funksional javob
Vaqt	Signal berishdan javobgacha davomiylik	Harakat, tiklanish va muhitga moslashish vaqti
Resurs	Reagent sarfi, tayyorlash va o‘qish talabi	Material, ishlab chiqarish, energiya va xizmat talabi
Barqarorlik	Fon, parchalanish va muhit ta’siri	Sikllar, qarish va tashqi yuklar ta’siri

Afzalliklar, cheklovlar va muhokama

Biomolekulyar avtomatlarning kuchli tomoni biologik signallarni bevosita molekulyar o‘zaro ta’sir orqali qayta ishlash imkoniyatidir. Ko‘p komponentning bir vaqtda qatnashishi parallel amallar uchun sharoit yaratadi. Shu bilan birga butun tizimning tezligi namunani tayyorlash, reaksiyaning borishi va chiqishni o‘qish bosqichlari bilan belgilanadi. Parallel ishlash haqidagi xossa har qanday masalada elektron hisoblashdan tezroq natija olinadi degan umumiy hukmni asoslamaydi [3, 7, 11].

Asosiy cheklovlar nospetsifik bog‘lanish, fon reaksiyalari, komponentlar sarflanishi, biologik muhitga sezgirlik va modullar ko‘payganda ularning o‘zaro ta’sirini boshqarish bilan bog‘liq. Hujayrali tizimlarda qo‘shimcha ravishda metabolik yuklama va populyatsiya o‘zgaruvchanligi hisobga olinadi [6, 9, 10]. Arxitekturaviy yechimlarda esa materialning charchashi, namlik va haroratning birgalikdagi ta’siri, texnik xizmat hamda foydalanish sharoiti muhimdir [14, 15]. Ushbu masalalarni faqat chiroyli shakl yoki alohida muvaffaqiyatli namoyish bilan hal qilingan deb bo‘lmaydi.

Ekologik foyda ham biologik manba nomidan kelib chiqmaydi. Kam material talab qiladigan shaklni ishlab chiqarish ko‘p energiya yoki murakkab kompozitlardan foydalanishni talab qilishi mumkin. Shuning uchun barqarorlik xomashyo, ishlab chiqarish, foydalanish va xizmat muddati tugaganidan keyingi jarayonlarni qamrab olgan holda tekshirilishi zarur. Ushbu maqolada hayotiy sikl hisoblari bajarilmagan; shu sababli ko‘rib chiqilgan texnologiyalar uchun umumiy ekologik ustunlik miqdori berilmaydi.

Tahlildan kelib chiqadigan asosiy metodik natija biologik o‘xshashlikni uch darajada ajratishdir: tashqi ko‘rinish, sababiy ishlash mexanizmi va texnik vazifaga mos natija. Birinchi daraja g‘oya berishi, ikkinchisi fizik model yaratishga yordam berishi mumkin. Amaliy xulosa esa uchinchi darajada, ya’ni belgilangan sharoitdagi o‘lchov bilan chiqariladi. Biomolekulyar avtomat va moslashuvchan me’moriy elementni bog‘laydigan asos ham ularning bir xil materialdan tuzilishi emas, shu tekshiriladigan loyihalash tartibidir.

XULOSA

Biomolekulyar avtomatlar DNK, RNK va oqsil ishtirokidagi jarayonlarni axborotni tanish, holatni saqlash va belgilangan javobni hosil qilish uchun tashkil etadi. Ularning rivojlanishi alohida laboratoriya amallaridan avtonom avtomatlar, mantiqiy tarmoqlar va qayta sozlanadigan molekulyar arxitekturalargacha bo‘lgan bir necha yo‘nalishni qamrab oladi. DNK origamisi va biologik yig‘ilish komponentlarning fazoviy tashkil etilishiga, genetik hamda RNK tizimlari esa xotira va boshqaruvning biologik realizatsiyasiga asos yaratadi.

Arxitekturaviy bionikada ham amaliy natija tabiiy shaklni ko‘chirishdan ko‘ra uning mexanizmini vazifaga mos ravishda qayta loyihalashga bog‘liq. Namlikka javob beradigan qatlamlar, egiluvchan fasad modullari va biologik jarayonlar ishtirokidagi materiallar bu yondashuvning turli ko‘rinishlaridir. Ularning har biri o‘z material muhiti, o‘lchami va tekshirish talablariga ega.

Taklif etilgan metodik tartib vazifani belgilash, biologik mexanizmni ajratish, model tuzish, fizik realizatsiyani tanlash va natijani mustaqil tekshirishni birlashtiradi. Simmetriya, moslashuvchanlik va tabiatdan ilhomlanish shu jarayonda vosita bo‘lib xizmat qiladi. Yangi arxitekturaning ilmiy va amaliy qiymati esa oldindan belgilangan funksiyani ishonchli, takrorlanuvchan va resurslari baholangan holda bajarishi bilan tasdiqlanadi.

ADABIYOTLAR RO‘YXATI

1. Qodirova S. A., Raximov L. Sh. Arxitekturaviy bionika. Darslik. Toshkent: PRINT REBEL; 2021. URL: https://arm.ssuv.uz/frontend/web/books/66ff78f169e95.pdf

2. Helms M., Vattam S. S., Goel A. K. Biologically inspired design: process and products. Design Studies. 2009;30(5):606–622. DOI: 10.1016/j.destud.2009.04.003

3. Adleman L. M. Molecular computation of solutions to combinatorial problems. Science. 1994;266(5187):1021–1024. DOI: 10.1126/science.7973651

4. Benenson Y., Paz-Elizur T., Adar R., Keinan E., Livneh Z., Shapiro E. Programmable and autonomous computing machine made of biomolecules. Nature. 2001;414(6862):430–434. DOI: 10.1038/35106533

5. Benenson Y., Gil B., Ben-Dor U., Adar R., Shapiro E. An autonomous molecular computer for logical control of gene expression. Nature. 2004;429(6990):423–429. DOI: 10.1038/nature02551

6. Seelig G., Soloveichik D., Zhang D. Y., Winfree E. Enzyme-free nucleic acid logic circuits. Science. 2006;314(5805):1585–1588. DOI: 10.1126/science.1132493

7. Qian L., Winfree E. Scaling up digital circuit computation with DNA strand displacement cascades. Science. 2011;332(6034):1196–1201. DOI: 10.1126/science.1200520

8. Rothemund P. W. K. Folding DNA to create nanoscale shapes and patterns. Nature. 2006;440(7082):297–302. DOI: 10.1038/nature04586

9. Gardner T. S., Cantor C. R., Collins J. J. Construction of a genetic toggle switch in Escherichia coli. Nature. 2000;403(6767):339–342. DOI: 10.1038/35002131

10. Green A. A., Kim J., Ma D., Silver P. A., Collins J. J., Yin P. Complex cellular logic computation using ribocomputing devices. Nature. 2017;548(7665):117–121. DOI: 10.1038/nature23271

11. Lv H., Xie N., Li M., Dong M., Sun C., Zhang Q., Zhao L., Li J., Zuo X., Chen H., Wang F., Fan C. DNA-based programmable gate arrays for general-purpose DNA computing. Nature. 2023;622(7982):292–300. DOI: 10.1038/s41586-023-06484-9

12. Soloveichik D., Seelig G., Winfree E. DNA as a universal substrate for chemical kinetics. Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA. 2010;107(12):5393–5398. DOI: 10.1073/pnas.0909380107

13. Reyssat E., Mahadevan L. Hygromorphs: from pine cones to biomimetic bilayers. Journal of the Royal Society Interface. 2009;6(39):951–957. DOI: 10.1098/rsif.2009.0184

14. Reichert S., Menges A., Correa D. Meteorosensitive architecture: Biomimetic building skins based on materially embedded and hygroscopically enabled responsiveness. Computer-Aided Design. 2015;60:50–69. DOI: 10.1016/j.cad.2014.02.010

15. Körner A., Born L., Mader A., Sachse R., Saffarian S., Westermeier A. S., Poppinga S., Bischoff M., Gresser G. T., Milwich M., Speck T., Knippers J. Flectofold—a biomimetic compliant shading device for complex free form facades. Smart Materials and Structures. 2018;27(1):017001. DOI: 10.1088/1361-665X/aa9c2f

16. Buckingham E. On physically similar systems; illustrations of the use of dimensional equations. Physical Review. 1914;4(4):345–376. DOI: 10.1103/PhysRev.4.345

17. Douglas S. M., Bachelet I., Church G. M. A logic-gated nanorobot for targeted transport of molecular payloads. Science. 2012;335(6070):831–834. DOI: 10.1126/science.1214081

18. Seeman N. C. Nucleic acid junctions and lattices. Journal of Theoretical Biology. 1982;99(2):237–247. DOI: 10.1016/0022-5193(82)90002-9

19. Heveran C. M., Williams S. L., Qiu J., Artier J., Hubler M. H., Cook S. M., Cameron J. C., Srubar W. V. Biomineralization and successive regeneration of engineered living building materials. Matter. 2020;2(2):481–494. DOI: 10.1016/j.matt.2019.11.016