

ДОПОЛНЕНИЯ

Гритсак–Грёнер Валерий В., Гритсак–Грёнер Ю., Петроу М.

СУПЕР-АЛГОРИТМ РАСПОЗНАВАНИЯ ОБРАЗОВ

Реферат к статье из № 1/11

В соответствии с Г-принципами, см. [3], практически любая информация может быть представлена в виде графа, в том числе обобщенного. Предложенный Супер-алгоритм (С-алгоритм) позволяет вычислять для заданного графа G , а значит для произвольной информации, *ближайшие* к G графы G^i . Вычисление, или другими словами восстановление, ближайшей информации и есть суть распознавания образов. Причем, *близость* из-за свойств С-алгоритма действительно является ближайшей из всех возможных, так как строится на соответствующей сильнейшей из всех возможных топологий. Отсюда и название Супер-алгоритм!

За максимально возможную разрешимость С-алгоритма приходится расплачиваться довольно высокой вычислительной сложностью. Но, несмотря на сложности, у С-алгоритма очень широкое поле применений. К счастью, в соответствии с таблицей Менделеева, все химические соединения и естественно их граф-схемы, имеют валентность не больше 8. Поэтому, С-алгоритм эффективно работает для всех до 40- атомных химических соединений, включительно. (Аналогично, для всех других задач распознавания ограниченного числа образов. Чем является альтернативой алгоритмам Вторичного распознавания образов, см. [7], где вычисляется колоссальное число объектов, но на слабейших топологиях!). В ограничение «40» входят все биохимические соединения генетического кода, что позволяет вычислять практически все возможные химические формулы, эффективных противовирусных препаратов.

Действительно, вирусы есть существа (хотя у некоторых исследователей принадлежность вирусов к миру живого вызывает сомнения), у которых отсутствуют важнейшие элементы генетического оснащения. Например, почти всегда отсутствуют ДНК-механизмы. Их жизнедеятельность обеспечивается за счет биоклеток организма жертвы вирусного поражения.

В зависимости, от типа вирусного поражения, вирусы и вирусоподобные классифицируются на четыре типа.

Первый тип. Вирусы этого типа (например, все вирусы гриппа) поражающие клетку организма жертвы используют биоматериал клетки для воспроизведения нескольких экземпляров однотипного вируса. После чего, клетка уничтожается. Новополученные вирусы атакуют следующие клетки организма жертвы, см. рис. 5.

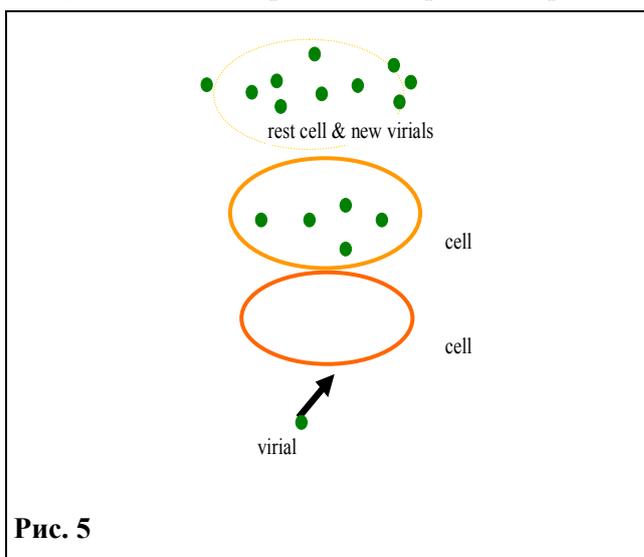


Рис. 5

Антивирусные препараты против вирусов первого типа рассчитывать с помощью С-алгоритма возможно. Но, по крайней мере на нынешнем этапе развития вирусов этого типа, эффективнее применять иммунно-стимулирующие препараты, например интерферон.

Второй тип. Вирусы этого типа (например, все ретровирусы, в том числе и ВИЧ) поражающие клетку организма жертвы используют механизмы клетки для воспроизведения, в принципе — неограниченного числа, экземпляров однотипного вируса. При этом, клетка не уничтожается, но не используется пораженным организмом в своих функциональных потребностях. Снабжение необходимыми ресурсами

пораженной клетки организмом продолжается, без изменений. И именно здесь возникает шанс для разработки эффективных антивирусных медицинских препаратов. Заражённая клетка «под

руководством» вируса-паразита начинает собирать белковые цепи **L** — строительный материал для новых вирусов, используя соответствующие остатки аминокислот α_i , которые предназначались для нормальной клетки. Если в организм (в человека!) вводить препарат $*\alpha_i$, химическая формула которого очень близка, лучше ближайшей, к α_i , см. рис. 4. Тогда новый вирус, у которого вместо белковой цепи **L** встроена белковая цепь **L**($*\alpha_i$), в которой α_i заменена на ($*\alpha_i$), будет немедленно обнаружен иммунной системой защиты организма (интерферонами, макрофагами и т.п.) и уничтожен.

Именно так и поступают разработчики новейших противовирусных препаратов. Они выбирают аминокислоту (или другое биохимическое соединение **β** обязательно входящее в состав болезнетворного вируса) и сугубо эмпирическим путём, методом замен мелких компонент **β** на другие, произвольно подобранные. В результате, приходится перебирать астрономические многочисленные химические соединения. Процесс поиска нового, более эффективного лекарства затягивается на десятилетия, если не произойдет гениального озарения исследователя. А вирусы имеют склонность мутировать. Тогда, необходимо всё начинать сначала!

С помощью Супер-алгоритма, на современных компьютерах, процесс поиска новых вариантов, возможных вариантов лекарств сводится к нескольким часам, а то и десяткам минут. Дальше необходимо еще проверить на эффективность химического синтеза *in vitro*, но это уже существенно-приемлемое время, которое в современных методиках неуклонно сокращается.

Третий тип. Вирусы этого типа (например, вирусы рассеянного склероза), поражающие клетки организма жертвы, модифицируют пораженные клетки, сохраняя возможность размножения новых вирусов и новых клеток. Этот процесс может продолжаться длительное время (годами!), но результат почти всегда печальный — летальный.

Здесь, применение Супер-алгоритма, аналогично вычислению химических формул противовирусных препаратов (против вирусов второго типа). Но, к сожалению, такие препараты могут лишь локализовать болезнь. Будут уничтожаться новопродуцированные больными клетками организма вирусы. Для полного излечения, необходимо научиться трансплантировать пораженные вирусами клетки. А это задачи медицины отдалённого будущего.

Четвёртый тип. Провирусы. Механизмы жизнедеятельности, этих новейших «исчадий ада», только начались исследоваться. Предполагается, что провирусы сосуществуют только с эпидемиологическими скоплениями вирусов. Примеры — эпидемии «птичьего» и «свинного» гриппа, «фруктовой» лихорадки и т.п. Супер-алгоритм, неожиданно и для авторов, оказался не только эффективным, но и единственно возможным методом расчета эффективных лекарств против этой заразы.

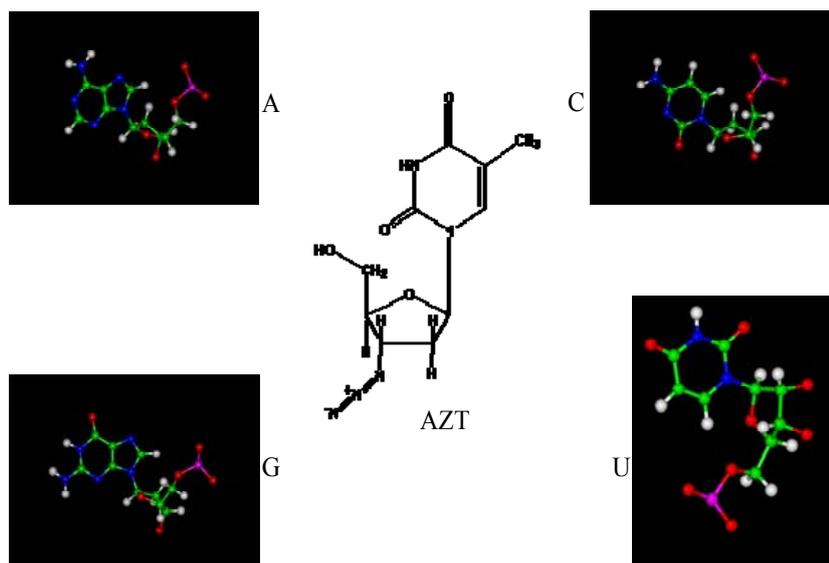


Fig. 4. AZT (on middle) has a minimum total distance from the nucleotides A, C, G and U