

ОСНОВНОЕ БОГОСЛОВИЕ И ЕСТЕСТВЕННО-НАУЧНАЯ
АПОЛОГЕТИКА

СОВРЕМЕННЫЕ ДАННЫЕ БИОХИМИИ О ПРОИСХОЖДЕНИИ ЖИЗНИ

В СВЕТЕ БОГОСЛОВСКОЙ ОЦЕНКИ

Александр Алексеевич Конкин

студент II курса магистратуры кафедры богословия
Московской духовной академии
141300, Сергиев Посад, Троице-Сергиева Лавра, Академия
alexandr-98@mail.ru

Для цитирования: Конкин А. А. Современные данные биохимии о происхождении жизни в свете богословской оценки // Богословский вестник. 2026. № 1 (60). С. 35–47. DOI: 10.31802/GB.2026.60.1.002

Аннотация

УДК 27-1 (577)

В статье анализируются современные биохимические данные о происхождении жизни и рассматривается их интерпретация в контексте богословской оценки. Цель исследования — выявить, каким образом результаты молекулярной биологии, генетики и химии, касающиеся генетического кода и механизмов его устойчивости, соотносятся с христианским пониманием мира как сотворённого и упорядоченного Богом. Методология включает обзор новейших научных публикаций, сравнительный анализ биохимических моделей происхождения жизни и их критическую оценку в свете святоотеческого наследия и богословских категорий. В результате показано, что гипотезы о случайном происхождении генетических структур имеют серьёзные ограничения, тогда как данные об оптимальности и устойчивости кода позволяют

рассматривать их как проявление глубинного замысла. Значимость работы заключается в формировании богословски целостного подхода к проблеме происхождения жизни, который учитывает как научные данные, так и духовно-нравственные основания.

Ключевые слова: биохимия, происхождение жизни, генетический код, богословие, Логос, Промысл Божий, патристика, эволюция, сложность, философия науки.

Статья поступила в редакцию 13.10.2025; одобрена после рецензирования 25.12.2025

Contemporary Biochemical Data on the Origin of Life in the Light of Theological Evaluation

Aleksandr A. Konkin

MA student at the Department of Theology, Moscow Theological Academy
Holy Trinity-St. Sergius Lavra, Sergiev Posad 141300, Russia
aleksandr-98@mail.ru

For citation: Konkin, Aleksandr A. “Contemporary Biochemical Data on the Origin of Life in the Light of Theological Evaluation”. *Theological Herald*, no. 1 (60), 2026, pp. 35–47 (in Russian). DOI: 10.31802/GB.2026.60.1.002

Abstract. The article analyzes contemporary biochemical data on the origin of life and considers their interpretation in the context of theological evaluation. The aim of the study is to identify how the results of molecular biology, genetics, and chemistry concerning the genetic code and its stability correlate with the Christian understanding of the world as created and ordered by God. The methodology includes a review of recent scientific publications, a comparative analysis of biochemical models of the origin of life, and their critical evaluation in the light of patristic heritage and theological categories. The results show that hypotheses about the random emergence of genetic structures face serious limitations, whereas data on the optimality and robustness of the code allow it to be considered as an expression of a divine design. The significance of the study lies in developing a theologically integrated approach to the problem of the origin of life that takes into account both scientific data and spiritual-moral foundations.

Keywords: biochemistry, origin of life, genetic code, theology, Logos, Divine Providence, patristics, evolution, complexity, philosophy of science.

The article was submitted on 10/13/2025; approved after reviewing on 12/25/2025

Проблема происхождения жизни и вероятность случайного возникновения белков

Вопрос о происхождении жизни и о вероятности случайного возникновения функциональных белков остаётся краеугольным камнем в диалоге между наукой и религией. Современная биология стремится объяснить процессы формирования жизни через химические и физические законы, опираясь на концепции пребиотической химии и синтетической биологии, не принимая во внимание концепцию Разумного Начала или Акта Божественного Творения. В то же время христианская теологическая мысль утверждает, что мир и жизнь сотворены Богом в порядке и с целью, что предполагает наличие Разума, стоящего за упорядоченностью и закономерностью процессов в природе.

Белки, являясь основными функциональными единицами клеток, выполняют структурные, каталитические и регуляторные функции. Их уникальные свойства зависят от точной последовательности аминокислот, которая определяет трёхмерную структуру молекулы. Даже замена одной аминокислоты может привести к утрате функции белка или возникновению заболеваний, как в случае серповидноклеточной анемии¹. Она является примером заболевания, вызванного единичной аминокислотной заменой, при которой глутаминовая кислота в шестой позиции β -цепи гемоглобина замещается на валин в результате замены одного нуклеотида в гене, кодирующем β -цепь гемоглобина, что приводит к образованию серповидного гемоглобина, изменению свойств эритроцитов и развитию заболевания². В условиях пониженного кислорода серповидный гемоглобин полимеризуется, изменяя форму эритроцитов на серпообразную, вследствие чего они становятся ломкими, легко разрушаются (гемолитическая анемия) и могут закупоривать сосуды, вызывая боли и ишемические повреждения органов³. Этот пример демонстрирует, что даже минимальное изменение в последовательности аминокислот способно нарушить функцию сложной биосистемы, что важно учитывать как при изучении биохимии, так и в рамках богословской антропологии. Также важно подчеркнуть точность и чувствительность устройства жизни к малейшим изменениям.

1 Kato G.J., Piel F.B., Reid C.D., et al. Sickle Cell Disease // Nature Reviews Disease Primers. 2018. Vol. 4. Art. 18010. P. 3.

2 Ibid. P. 44.

3 Ibid. P. 3.

Хотя возраст Земли оценивается в 4,5 млрд. лет, стабильное окно для возникновения жизни с сохранением молекул в пригодной среде было ограничено сотнями миллионов лет из-за высокой вулканической активности, бомбардировки метеоритами и нестабильности атмосферы. При этом анализ древнейших строматолитов показывает, что жизнь могла возникнуть относительно быстро после стабилизации условий (около 3,5 млрд. лет назад), что сокращает доступное время для случайных процессов, необходимых для образования сложных биомолекул⁴.

Современная постановка проблемы возникновения функции белков показывает, что переход от случайных аминокислотных цепей к ферментам — то есть к белкам, обеспечивающим каталитическое ускорение химических реакций в живых системах, — связан не только с огромным числом возможных вариантов аминокислотных последовательностей, но и с экспериментально установленной редкостью свойств, необходимых для реализации функции. Случайные аминокислотные последовательности крайне редко формируют устойчивую трёхмерную структуру, сохраняющуюся в водной среде, и столь же редко способны к специфическому связыванию биологически значимых низкомолекулярных соединений. В частности, последовательности, связывающие АТФ, обнаруживаются приблизительно с частотой⁵ одного случая на 10^{11} .

Это означает, что формирование функционально сопоставимых белковых структур при неупорядоченном переборе аминокислотных комбинаций характеризуется крайне низкой вероятностью. Вследствие этого при рассмотрении происхождения молекулярных систем необходимо учитывать физико-химические условия, способные структурировать реакционную среду и тем самым направлять ход химических процессов.

В исследованиях пребиотических процессов показано, что особые условия среды — концентрация веществ при частичном замерзании водных растворов, циклическое увлажнение и высыхание, а также наличие устойчивой разности температур между различными участками среды — способны существенно влиять на характер протекающих

4 Schopf J. W., Kitajima K., Spicuzza M. J., Kudryavtsev A. B., Valley J. W. SIMS Analyses of the Oldest Known Assemblage of Microfossils Document Their Taxon-Related Carbon Isotope Compositions // Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. 2017. Vol. 115. № 1. P. 53.

5 Schnettler J. D., Wang M. S., Gantz M. et al. Selection of a Promiscuous Minimalist cAMP Phosphodiesterase from a Library of *de novo* Designed Proteins // Nature Chemistry. 2024. Vol. 16. P. 1200.

реакций. В таких условиях возможно более равномерное включение различных нуклеотидов при их последовательном соединении, что создаёт предпосылки для формирования менее хаотичных по составу и более устойчивых к дальнейшему отбору молекулярных систем⁶.

Кроме того, каталитические пептиды обладают ограниченной активностью в водной среде из-за неустойчивой структуры молекулы, которая мешает эффективному выполнению каталитических функций. Однако в коацерватах эта активность значительно усиливается; авторы связывают этот факт с особенностями их внутренней организации. Эти данные подчёркивают важную роль физико-химических свойств среды в регуляции реакционной способности пептидов⁷.

Дополнительно показано, что воспроизведение рибозимов возможно только в очень узком диапазоне pH при циклическом замораживании и оттаивании, что затрудняет их спонтанное формирование в условиях древней Земли⁸. Периодические температурные колебания могут способствовать репликации РНК, однако процесс остаётся низкоэффективным и требует стабильной среды⁹. Обзор по каталитической активности пептидов подчёркивает, что появление функциональных свойств требует определённой упорядоченности, невозможной в полностью случайных условиях¹⁰. Полученные экспериментальные данные лабораторных моделей ранней Земли показывают: формирование функционально активных полипептидных цепей жёстко детерминировано узким диапазоном физико-химических параметров и наличием стабилизирующих микросред. Подобная совокупность условий экспоненциально снижает вероятность спонтанного абиогенного синтеза, фактически исключая сценарий стохастического возникновения белков в отсутствие селективного каталитического или фазового контроля.

- 6 *Kakizaki J., Mizuuchi R.* Selection–Diversification Interplay in Oligonucleotide Chemical Evolution // *Biophysics and Physicobiology*. 2025. Vol. 22. № 4. P. 4.
- 7 *Reis D.Q.P., Pereira S., Ramos A.P. et al.* Catalytic Peptide-Based Coacervates for Enhanced Function Through Structural Organization and Substrate Specificity // *Nature Communications*. 2024. Vol. 15. Art. 9368. P. 2.
- 8 *Attwater J., Augustin T.L., Curran J.F. et al.* Trinucleotide Substrates under pH–Freeze–Thaw Cycles Enable Open-Ended Exponential RNA Replication by a Polymerase Ribozyme // *Nature Chemistry*. 2025. Vol. 17. P. 1132.
- 9 *Salibi E., Peter B., Schwille P. et al.* Periodic Temperature Changes Drive the Proliferation of Self-Replicating RNAs in Vesicle Populations // *Nature Communications*. 2023. Vol. 14. Art. 1222. P. 4.
- 10 *Hlouchova K., Konvalinka J., Martins B.M.C., Damborsky J.* Peptides en Route from Prebiotic to Biotic Catalysis // *Accounts of Chemical Research*. 2024. Vol. 57. № 15. P. 2034.

Современные данные биохимии и синтетической биологии о вероятности случайного образования белков и генетического кода

Анализ исследований по синтетической биологии и пребиотической химии за последние пять лет показывает, что современная наука выявляет не случайность, а упорядоченность, согласованность и предсказуемость в фундаментальных механизмах биологии. Уникальность и оптимальность генетического кода подтверждаются современными исследованиями: С. Омачи, Н. Сайто и К. Фурусавы показали, что среди случайно сгенерированных кодов лишь один из 10^{20} оказывается более устойчивым, чем стандартный генетический код. Это свидетельствует о том, что случайное образование столь оптимального и стабильного кода практически невозможно без направленного отбора. Иными словами, стабильное функционирование генетического кода требует строго настроенных условий и не может возникнуть чисто случайным образом¹¹. Дополнительно Л. Лэй и З. Ф. Бёртон отмечают, что в эволюции генетического кода хаос играл крайне незначительную роль¹². Такой вывод указывает на то, что возникновение и сохранение его устойчивости не может быть объяснено чисто случайными факторами и требует определённых закономерностей.

В исследованиях, посвящённых количественной оценке редкости белковой функции, подчёркивается, что аминокислотные последовательности, обеспечивающие полноценную ферментативную активность, сопоставимую по уровню сложности и эффективности с белками живых организмов, встречаются крайне редко¹³.

Описываемые эксперименты с совокупностями случайно сформированных аминокислотных последовательностей показывают, что отдельные цепи могут проявлять измеряемую связывающую или каталитическую активность. Однако такие проявления активности, как правило, имеют простой характер и не сопоставимы по уровню сложности и эффективности с ферментами живых организмов¹⁴. Кроме того, подобные цепи обычно не обладают точным пространственным расположением

11 Omachi Y., Saito N., Furusawa C. Rare-Event Sampling Analysis Uncovers the Fitness Landscape of the Genetic Code // *PLoS Computational Biology*. 2023. Vol. 19 (4). Art. e1011034. P. 2.

12 Lei L., Burton Z.F. Evolution of the Genetic Code // *Transcription*. 2021. Vol. 12 (1). P. 28.

13 Miller B.J. A Methodology for Calculating the Rarity of Diverse Proteins Based on Functional Specificity and Thermodynamic Stability // *PLoS One*. 2025. Vol. 20. № 12. Art. e0339572. P. 17.

14 I did. P. 4.

химических групп аминокислот, необходимым для специфических взаимодействий и эффективного катализа¹⁵.

Даже при целенаправленном вычислительном проектировании ферментов, основанном на рациональных методах конструирования структуры, получаемые белковые конструкции часто оказываются значительно менее активными, чем соответствующие ферменты живых организмов¹⁶. Это связано с тем, что каталитическая эффективность требует исключительно точной пространственной организации молекулы: небольшие отклонения в деталях строения могут приводить к существенному снижению активности¹⁷.

Аминокислотные последовательности, обеспечивающие уровень функции, характерный для белков живых организмов, характеризуются высокой степенью структурной и функциональной упорядоченности и встречаются чрезвычайно редко¹⁸. Поэтому оценка вероятности случайного образования белков должна учитывать не только факт появления элементарной каталитической или связывающей активности, но и необходимость формирования структурной и функциональной организации, сопоставимой с белками живых организмов. Решающее значение при этом имеют точность пространственной структуры, специфичность межмолекулярных взаимодействий и устойчивость функционирования в реальных условиях.

Большинство случайных аминокислотных последовательностей не образуют устойчивых и функциональных структур. Вероятность нахождения активного варианта случайным образом чрезвычайно мала¹⁹. Именно поэтому примеры функционально активных *de novo* белков из случайных последовательностей остаются единичными, тогда как методы направленной эволюции значительно повышают шансы на выявление жизнеспособных структур²⁰. В то же время новые ферментативные активности в природе нередко возникают изначально как побочные и крайне слабые функции уже существующих белков;

15 Miller B.J. A Methodology for Calculating the Rarity of Diverse Proteins Based on Functional Specificity and Thermodynamic Stability. P. 2.

16 Listov D., Vos E., Hoffka G. et al. Complete Computational Design of High-Efficiency Kemp Elimination Enzymes // Nature. 2025. Vol. 643. P. 1421.

17 I did. P. 1421.

18 Miller B.J. A Methodology for Calculating the Rarity of Diverse Proteins Based on Functional Specificity and Thermodynamic Stability. P. 2.

19 Tong C.L., Lee K.-H., Seelig B. De Novo Proteins from Random Sequences Through in Vitro Evolution // Current Opinion in Structural Biology. 2021. Vol. 68. P. 2.

20 I did. P. 5.

они могут приобретать биологическую значимость под давлением изменившейся среды или вследствие мутаций, а затем закрепляться и усиливаться в ходе естественного отбора, дубликации и дивергенции генов²¹. Как подчёркивает С. Копли в отдельном обзоре, именно ранние стадии появления слабых активностей и последующая их стабилизация в новых условиях «создают почву» для возникновения принципиально новых ферментов²². Из этого следует, что именно направленное давление среды и процессы отбора играют решающую роль в возникновении и развитии новых белковых функций.

Таким образом, совокупность данных биохимии и синтетической биологии указывает на крайне низкую статистическую вероятность спонтанного возникновения белков, обладающих заданной функциональностью и термодинамической стабильностью в условиях пребиотической среды. Выраженная специфичность и структурная упорядоченность биологических макромолекул предполагают наличие механизмов селекции, выходящих за рамки стохастических процессов.

Богословская интерпретация феномена сложности и упорядоченности природы

Православная апологетика рассматривает упорядоченность мира как проявление Премудрости и Промысла Божия. Священное Писание прямо говорит:

«...Ты все расположил мерою, числом и весом» (Прем. 11, 21).

То же самое мыслит и свт. Василий Великий, утверждая, что творение «не само собою произошло, как представляли себе некоторые, но имело причину в Боге»²³; и далее: «Какой прекрасный порядок!»²⁴ — здесь свт. Василий Великий восхищается тем, как устроено творение, замечая, что порядок и гармония видимого мира свидетельствуют о Премудрости и воле Творца. Вслед за этим свт. Лука (Войно-Ясенецкий)

21 Copley S.D. Evolution of New Enzymes by Gene Duplication and Divergence // FEBS Journal. 2020. Vol. 287. № 7. P. 1262–1283.

22 Copley S.D. Setting the Stage for Evolution of a New Enzyme // Current Opinion in Structural Biology. 2021. Vol. 69. P. 45–46.

23 *Basiliius Caesariensis*. Homiliae in Hexaemeron I, 1 // PG. 29. Col. 4A:7–9: «οὐκ αὐτομάτως συνέστη, ὡς τινες ἐφαντάσθησαν, ἀλλὰ παρὰ τοῦ Θεοῦ τὴν αἰτίαν ἔλαβεν». Рус. пер.: *Василий Великий, свят.* Беседы на Шестоднев. Беседа 1, 1 // ПСТСО. 3. С. 319.

24 *Basiliius Caesariensis*. Homiliae in Hexaemeron I, 2 // PG. 29. Col. 8B:15: «Τί καλή ἡ τάξις;». Рус. пер.: *Василий Великий, свят.* Беседы на Шестоднев. Беседа 1, 2 // ПСТСО. 3. С. 322.

подчёркивал онтологическое единство познания, гармонично сочетая научный метод и веру:

«Религия противоречит не науке, а нашим знаниям <...>. Между откровением и самой природой нет противоречия и не может быть, ибо Бог является Творцом их обоих. Наука открывает вечный Логос бытия, обуславливающий [гармонию]»²⁵.

Наблюдаемая закономерность и стройность в природе непротиворечиво соотносится с христианским учением о Премудром Творце. При этом выводы современной науки о редкости самопроизвольного появления сложных функциональных белков дополняют богословское видение.

Переходя от общего богословского понимания к более конкретному, осмысление упорядоченности творения выражено у прп. Иоанна Дамаскина:

«Он приводит из не сущего в бытие и творит все [без изъятия], невидимое и видимое»²⁶.

Эта мысль подчёркивает принципиальную направленность бытия: мир не случаен, но приведён к существованию по Божественному Замыслу. Поэтому согласованность и гармония природы могут рассматриваться как проявление Премудрости Творца, что делает богословское объяснение упорядоченности внутренне цельным и непротиворечивым.

Подобное понимание не сводится к подмене отсутствующих научных объяснений ссылкой на Бога, а представляет собой согласование научной картины мира с богословским пониманием того, что законы природы и их упорядоченность указывают на наличие глубинного основания в структуре мироздания.

Таким образом, современные данные молекулярной биологии и пребиотической химии дают основания полагать, что гипотеза случайного возникновения жизни на белковом уровне является статистически несостоятельной ввиду экстремально низкой вероятности формирования функционально активных полипептидов. При этом идея *логосов* творений в православной традиции помогает богословски осмыслить упорядоченность и целесообразность в мире, позволяя

25 Лука (Войно-Ясенецкий), свт. Избранные творения. Москва, 2010. С. 390.

26 *Joannes Damascenus*. De Fide Orthodoxa II, 2 [15] // PG. 94. Col. 864C:13 – 865A:2: «... ἐκ τοῦ μὴ ὄντος εἰς τὸ εἶναι παρὰ γὰρ καὶ δημιουργεῖ τὰ σύμπαντα, ἀόρατά τε καὶ ὄρατά». Рус. пер.: Иоанн Дамаскин, прп. Точное изложение православной веры. Кн. 2. Гл. 2 (16) // Он же. Творения. Источник знания. Москва, 2002. С. 187.

интегрировать естественнонаучное знание с христианской апологетикой без противоречия, а в качестве взаимного обогащения.

Эти данные указывают, что современная наука не подтверждает возможность самопроизвольного формирования белков и функционирующего генетического кода в природе без строго направленных условий, что открывает пространство для более глубокого философского и богословского анализа вопроса о происхождении жизни. Православное богословие в свете учения о Логосе предлагает осмысление упорядоченности и целесообразности мира как следствия Божественного замысла. Прп. Максим Исповедник излагает учение о множестве логосов в Едином Логосе, утверждая, что каждая тварь имеет *логос* — замысел Божий, по которому и через который она существует, и этот *логос* пребывает в Логосе, Сыне Божиим, через Которого всё сотворено из небытия и в Котором содержатся причины и цели всего созданного²⁷. Эта концепция, согласующая научное знание с богословским мировоззрением, позволяет видеть высокую специфичность и сложность биологических структур как выражение предустановленного порядка, а не как продукт случайности.

Евангелие от Иоанна утверждает: «*В начале было Слово (Λογος), и Слово было у Бога, и Слово было Бог*» (Ин. 1, 1), указывая, что Бог сотворил мир через Своё Слово и всё сотворённое несёт в себе отпечаток Премудрости. Это понимание утверждает, что порядок, законы и упорядоченность природы являются проявлением Премудрости Божией, реализуемой через Логос, и согласуется с данными современной науки, выявляющей сложные взаимозависимости и предсказуемость в биологических и химических процессах. Генетический код проявляет устойчивость к ошибкам и признаки оптимизации, свидетельствующие о наличии в природе механизмов, которые обеспечивают целостность и стабильность биологических систем даже в условиях внешних возмущений^{28,29}.

Таким образом, можно заключить, что упорядоченность, обнаруживаемая наукой, согласуется с православным учением о Логосе как Причине и Устроителе мира, при этом данная упорядоченность не является

27 *Maximus Confessor. Ambiguum 7 // PG. 91. Col. 1077–1080. Рус. пер.: Максим Исповедник, прп. О недоумениях к Иоанну // Максим Исповедник, прп. О различных недоумениях у святых Григория и Дионисия (Амбигвы). Москва, 2006. С. 65–66.*

28 *Omachi Y., Saito N., Furusawa C. Rare-Event Sampling Analysis Uncovers the Fitness Landscape of the Genetic Code. P. 1–14. URL: <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1011034>*

29 *Lei L., Burton Z.F. Evolution of the Genetic Code. P. 28–53. URL: <https://doi.org/10.1080/21541264.2021.1927652>*

доказательством веры, а предоставляет мировоззренческое основание, поддерживающее понимание природы как сотворённой и управляемой по Премудрости. Наука раскрывает сложность, упорядоченность и стройность процессов в природе, а богословие показывает, что эта упорядоченность может пониматься как проявление Промысла Божия, реализуемого через Логос. Современные данные демонстрируют, что вероятность случайного возникновения функциональных белков и генетического кода остаётся крайне низкой, а сложность и упорядоченность природы созвучны пониманию её как сотворённой Творцом.

Исходя из вышеизложенного, наука и богословие не противоречат друг другу в вопросе происхождения жизни и устройства мира, а дополняют и углубляют понимание его целостности, сложности и направленности, открывая перед исследователем и богословом пространство для согласованного осмысления настоящей и будущей реальности.

Итоги

Проведённый анализ показал, что гипотеза случайного возникновения белков и генетического кода сталкивается с серьёзными ограничениями. Современные данные биохимии и синтетической биологии указывают на необходимость строго упорядоченных условий для формирования функциональных молекулярных структур. Уникальность и оптимальность генетического кода, а также высокая чувствительность белковых систем к малейшим изменениям позволяют рассматривать их как свидетельство глубинной упорядоченности природы. Это, в свою очередь, созвучно богословскому пониманию мира как сотворённого и устроенного по Премудрому Замыслу Божию.

Вместе с тем проведённое исследование имеет свои пределы. В центре рассмотрения находились главным образом белки и генетический код, а такие вопросы, как происхождение липидных мембран, систем энергетического обмена и механизмов регуляции, остались вне поля анализа. Недостаточно изученным остаётся и то, каким образом отдельные биохимические структуры могли объединяться в целостные протоклеточные системы.

Перспективы дальнейшего исследования представляются в нескольких направлениях. Во-первых, требуется более комплексное изучение взаимодействия белков, РНК и липидов в условиях, моделирующих раннюю Землю. Во-вторых, значимым является сравнение результатов синтетической биологии с естественными процессами, что позволит оценить границы возможного случайного усложнения

без направленного отбора. В-третьих, особую ценность приобретает философско-богословское осмысление этих данных в свете святоотеческой традиции, прежде всего учения о *логосах* в тварном мире. Наконец, важно продолжать развитие междисциплинарных моделей, позволяющих согласованно учитывать как естественнонаучные данные, так и богословскую традицию.

Таким образом, предпринятая работа хотя и не исчерпывает всей полноты темы, но задаёт направление для дальнейшего исследования. Проведённое исследование показывает, что современная наука и богословие способны не просто к взаимодополняющему синтезу, а к плодотворному диалогу, открывающему в совместной перспективе более глубокое понимание происхождения и телеологического устройства жизни.

Источники

- Basilii Caesariensis*. Homiliae in Hexaemeron (Τοῦ ἐν ἀγίοις πατρὸς ἡμῶν Βασιλείου ἀρχιεπισκόπου Καισαρείας Καππαδοκίας ὁμιλίαι θ' εἰς τὴν Ἑξαήμερον) // PG. T. 29. Col. 3–208.
- Ioannes Damascenus*. De Fide Orthodoxa (Ἐκδοσις ἀκριβῆς τῆς ὀρθοδόξου πίστεως) // PG. T. 94. Col. 789–1228.
- Maximus Confessor*. Ambiguum Liber (Μαξίμου Περὶ διαφορῶν ἀποριῶν) // PG. T. 91. Col. 1031–1418.
- Василий Великий, свт.* Творения: [в 2 т.] Т. 1: Догматико-полемические творения. Экзегетические сочинения. Беседы. Прил.: архиеп. Василий (Кривошеин). Проблема познаваемости Бога. Москва: Сибирская Благовонница, 2008. (ПСТСО; т. 3).
- Иоанн Дамаскин, прп.* Творения. Источник знания / пер. и комм. Д. Е. Афиногенова, А. А. Бронзова, А. И. Сагарды, Н. И. Сагарды. Москва: Индрик, 2002. (Святоотеческое наследие).
- Лука (Войно-Ясенецкий), свт.* Избранные творения. Москва: Сибирская Благовонница, 2010.
- Максим Исповедник, прп.* О различных недоумениях у святых Григория и Дионисия (Амбигвы) / пер. с греч., примеч. архим. Нектария. Москва: Институт философии, теологии и истории св. Фомы, 2006.

Литература

- Attwater J., Augustin T. L., Curran J. F., et al.* Trinucleotide Substrates under pH–Freeze–Thaw Cycles Enable Open–Ended Exponential RNA Replication by a Polymerase Ribozyme // Nature Chemistry. 2025. Vol. 17. P. 1129–1137. DOI: 10.1038/s41557-025-01830-y
- Copley S. D.* Evolution of New Enzymes by Gene Duplication and Divergence // FEBS Journal. 2020. Vol. 287. № 7. P. 1262–1283. DOI: 10.1111/febs.15299
- Copley S. D.* Setting the Stage for Evolution of a New Enzyme // Current Opinion in Structural Biology. 2021. Vol. 69. P. 41–49. DOI: 10.1016/j.sbi.2021.03.001

- Hlouchova K., Konvalinka J., Martins B. M. C., Damborsky J.* Peptides en Route from Prebiotic to Biotic Catalysis // *Accounts of Chemical Research*. 2024. Vol. 57. № 15. P. 2027–2037. DOI: 10.1021/acs.accounts.4c00137
- Kakizaki J., Mizuuchi R.* Selection–Diversification Interplay in Oligonucleotide Chemical Evolution // *Biophysics and Physicobiology*. 2025. Vol. 22. № 4. DOI: 10.2142/biophysico.bppb-v22.0028
- Kato G. J., Piel F. B., Reid C. D., et al.* Sick Cell Disease // *Nature Reviews Disease Primers*. 2018. Vol. 4. Art. 18010. DOI: 10.1038/nrdp.2018.10
- Lei L., Burton Z. F.* Evolution of the Genetic Code // *Transcription*. 2021. Vol. 12. № 1. P. 28–53. DOI: 10.1080/21541264.2021.1927652
- Listov D., Vos E., Hoffka G., et al.* Complete Computational Design of High-Efficiency Kemp Elimination Enzymes // *Nature*. 2025. Vol. 643. P. 1421–1427. DOI: 10.1038/s41586-025-09136-2
- Miller B. J.* A Methodology for Calculating the Rarity of Diverse Proteins Based on Functional Specificity and Thermodynamic Stability // *PLoS One*. 2025. Vol. 20. № 12. Art. e0339572. DOI: 10.1371/journal.pone.0339572
- Omachi Y., Saito N., Furusawa C.* Rare-Event Sampling Analysis Uncovers the Fitness Landscape of the Genetic Code // *PLoS Computational Biology*. 2023. Vol. 19. № 4. Art. e1011034. DOI: 10.1371/journal.pcbi.1011034
- Reis D. Q. P., Pereira S., Ramos A. P., et al.* Catalytic Peptide-Based Coacervates for Enhanced Function Through Structural Organization and Substrate Specificity // *Nature Communications*. 2024. Vol. 15. Art. 9368. DOI: 10.1038/s41467-024-53699-z
- Salibi E., Peter B., Schwille P., et al.* Periodic Temperature Changes Drive the Proliferation of Self-Replicating RNAs in Vesicle Populations // *Nature Communications*. 2023. Vol. 14. Art. 1222. DOI: 10.1038/s41467-023-36940-z
- Schnettler J. D., Wang M. S., Gantz M., et al.* Selection of a Promiscuous Minimalist cAMP Phosphodiesterase from a Library of de novo Designed Proteins // *Nature Chemistry*. 2024. Vol. 16. P. 1200–1208. DOI: 10.1038/s41557-024-01490-4
- Schopf J. W., Kitajima K., Spicuzza M. J., et al.* SIMS Analyses of the Oldest Known Assemblage of Microfossils Document Their Taxon-Correlated Carbon Isotope Compositions // *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2017. Vol. 115. № 1. P. 53–58. DOI: 10.1073/pnas.1718063115
- Tong C. L., Lee K.-H., Seelig B.* De Novo Proteins from Random Sequences Through in Vitro Evolution // *Current Opinion in Structural Biology*. 2021. Vol. 68. P. 129–134. DOI: 10.1016/j.sbi.2020.12.014