

ОСНОВНОЕ БОГОСЛОВИЕ И ЕСТЕСТВЕННО-НАУЧНАЯ
АПОЛОГЕТИКА

ВЕРОЯТНОСТЬ И ЛОГОС

ЕСТЕСТВЕННО-НАУЧНОЕ И БОГОСЛОВСКОЕ
ОСМЫСЛЕНИЕ ПРОИСХОЖДЕНИЯ ПОРЯДКА
В ЖИВОМ МИРЕ

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. Вероятность и Логос: естественно-научное и богословское осмысление происхождения порядка в живом мире // Богословский вестник. 2026. № 2 (61). С. 58–84. DOI: 10.31802/GB.2026.61.2.003

Аннотация

УДК 27-1 (577)

В настоящей работе рассматривается проблема вероятности случайного возникновения белковых структур и вопрос рациональной упорядоченности мира в контексте диалога естественнонаучного и богословского знаний. На основе данных молекулярной биологии и теории вероятностей показывается, что вероятность случайного образования функциональных белков и клеточных систем крайне мала, что указывает на существование упорядочивающего принципа. В богословской перспективе этот принцип осмысливается через учение о Логосе как источнике разумности и устойчивости бытия. Подчёркивается взаимодополняемость научного и богословского подходов, а также обозначаются перспективы дальнейших междисциплинарных исследований, направленных на изучение связи между вероятностными закономерностями природы и их метафизическим основанием.

Ключевые слова: происхождение жизни, вероятность, белок, апологетика, Логос, порядок, рациональность, наука и вера.

Статья поступила в редакцию 13.10.2025; одобрена после рецензирования 25.12.2025

Probability and Logos: Scientific and Theological Perspectives on the Origin of Order in Living Systems

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. "Probability and Logos: Scientific and Theological Perspectives on the Origin of Order in Living Systems". *Theological Herald*, no. 2 (61), 2026, pp. 58–84 (in Russian). DOI: 10.31802/GB.2026.61.2.003

Abstract. This paper examines the probability of the accidental emergence of protein structures and the rational order of the world within the dialogue between scientific and theological knowledge. Based on molecular biology and probability theory, the study demonstrates that the likelihood of the spontaneous formation of functional proteins and cellular systems is extremely low, suggesting the existence of an ordering principle. From a theological perspective, this principle is conceptualized through the doctrine of the Logos as the source of the rationality and stability of being. The paper emphasizes the complementarity of scientific and theological approaches and outlines prospects for further interdisciplinary research into the link between the probabilistic laws of nature and their metaphysical foundations.

Keywords: origin of life, probability, protein, apologetics, Logos, order, rationality, science and faith.

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

Введение в проблему происхождения белковых молекул

Современные научные исследования в области молекулярной биологии неизменно сталкиваются с вопросом о происхождении жизни и формировании сложных биологических структур. Одним из важнейших аспектов в этой области является изучение процесса образования белковых молекул, которые играют ключевую роль в жизнедеятельности клеток.

Белки, как основополагающие элементы живых организмов, выполняют множество жизненно важных функций, начиная от обеспечения структурной целостности клеток и заканчивая катализом биохимических реакций. Эти сложные биомолекулы состоят из аминокислот, количество и порядок которых строго определены. Именно эта последовательность аминокислот обуславливает уникальную трёхмерную конфигурацию белка, что, в свою очередь, определяет его функциональные свойства. Малейшее отклонение от заданной последовательности может привести к утрате биологической активности белка или даже к его токсичности.

Сложность структуры белков можно проиллюстрировать на примере простейших белковых молекул, которые содержат около пятидесяти аминокислот. Хотя это может показаться незначительным числом, даже такие белки представляют собой высокоорганизованные системы. Сложность многократно возрастает при рассмотрении более крупных белков, содержащих сотни или тысячи аминокислот. Вероятность их случайного образования в результате хаотических процессов чрезвычайно мала.

В процессе исследования вероятности и разнообразия белковых последовательностей центральную роль играет комбинаторный анализ¹. Белки, представляющие собой цепочки аминокислот, формируют огромное разнообразие возможных структур благодаря вариативности их аминокислотных последовательностей. Для иллюстрации этой комбинаторной сложности можно рассмотреть гипотетический белок, состоящий из 288-ми аминокислот, каждая из которых может принадлежать к одному из двенадцати типов.

Белки строятся из аминокислот, и в природе существуют двадцать стандартных аминокислот. Однако в данном примере рассматривается гипотетическая ситуация с двенадцатью типами аминокислот,

1 Дехтять М.И., Дудаков С.М., Карлов Б.Н. Лекции по дискретной математике: учебник. Тверь, 2021. С. 46.

что отражает количество возможных вариантов для каждой позиции в последовательности белка. Длина цепочки в этом случае составляет 288 аминокислот; это означает, что каждая из них может быть заменена одной из двенадцати возможных аминокислот.

Для определения общего количества возможных последовательностей используется комбинаторный расчёт. Если имеется n позиций в цепочке, где каждая из них может быть занята одной из k аминокислот, общее число возможных комбинаций вычисляется как k^n . В нашем примере:

$k = 12$ — количество типов аминокислот;
 $n = 288$ — количество позиций в цепочке.

Таким образом, общее количество возможных последовательностей белка составляет 12^{288} . Это число является чрезвычайно большим и трудно воспринимается без логарифмического преобразования. Применяя логарифмы, можно получить более понятное представление о масштабе этого числа:

$$\log_{10}(12^{288}) = 288 \times \log_{10}(12) \approx 310,8$$

На основании этого логарифмического расчёта, число 12^{288} эквивалентно приблизительно $10^{310,8}$, что указывает на невероятно высокую степень комбинаторного разнообразия. В научных текстах для удобства восприятия и для упрощения это число округляют до порядка величины 10^{311} .

Это огромное количество возможных последовательностей связано с комбинаторной природой расположения аминокислот, где каждая позиция в последовательности может быть занята любым из двенадцати типов аминокислот. Такое разнообразие последовательностей важно потому, что конкретный порядок аминокислот определяет структуру и функцию белка.

На основе анализа комбинаторного разнообразия белковых последовательностей можно сделать важный вывод о невероятной сложности случайного формирования функционального белка. Для того чтобы случайно сформировать белок, обладающий определённой функцией, необходимо, чтобы его аминокислотная последовательность была точно определённой. Однако, учитывая размер комбинаторного пространства, вероятность того, что случайно выбранная последовательность окажется функциональной, практически равна нулю. Это связано с тем, что лишь незначительная часть всех возможных последовательностей может складываться в стабильные и функциональные трёхмерные структуры, необходимые для выполнения биологических функций.

Вероятность случайного формирования одной молекулы белка невероятно мала. В указанном примере эта вероятность составляет 1 из 10^{31} , что делает её практически нереализуемой. В математике же существует принцип, согласно которому событие с незначительной вероятностью считается фактически невозможным, а значит, его вероятность приравнивается нулю. Так, в одной из ключевых концепций, обсуждаемых Э. Борелем в его книге «Вероятности и жизнь» (*фр.* «Les Probabilités et la vie»), говорится о пренебрежимо малых вероятностях, особенно в контексте космических масштабов. Э. Борель утверждает, что вероятность события, меньшая чем 1 из 10^{50} , может считаться равной нулю². Применяя это положение к биологическим и химическим процессам, можно сделать вывод о невероятно малой вероятности случайного формирования таких сложных молекул, как белки.

Белки, являясь фундаментальными строительными блоками живых организмов, состоят из длинных цепочек аминокислот, расположенных в строго определённой последовательности. Каждая из этих последовательностей играет ключевую роль в определении функции белка. Вероятность того, что случайные процессы приведут к образованию специфической последовательности аминокислот, необходимой для функционирования определённого белка, чрезвычайно мала. Если рассматривать вероятность случайного формирования одной молекулы белка с заданной последовательностью аминокислот, она может быть даже меньше, чем та, которую Э. Борель описывает как пренебрежимо малую на космическом уровне.

Из этого следует, что с точки зрения вероятности случайное образование функциональных белковых структур в условиях первичной Земли представляется крайне маловероятным. Это положение подкрепляется аргументами в пользу существования направленных процессов или механизмов разумного замысла, которые могли способствовать формированию сложных биологических молекул на ранних этапах развития жизни.

Белок, включающий 288 аминокислот, является относительно простым в сравнении с более сложными молекулами, которые содержат тысячи аминокислот и составляют основу живых организмов. Если применить законы теории вероятностей к таким сложным молекулам, то даже слово «невозможно» окажется недостаточным для описания ситуации. На более высоких уровнях организации жизни отдельная молекула не играет значимой роли.

2 Borel E. Probabilities and Life / transl. from French by M. Baudin. New York (N.Y.), 1962. P. 28.

Если мы применим теорию вероятностей к более сложным биологическим макромолекулам, которые составляют клетки, то обнаружим, что шансы на их случайное формирование стремятся к нулю. Клетка является не просто совокупностью белков, а сложной системой, включающей нуклеиновые кислоты, липиды, витамины, электролиты и множество других компонентов. Эти элементы структурированы в различные органеллы и выполняют строго определённые функции. Вероятность случайного возникновения даже самой простой бактериальной клетки, содержащей около двух тысяч видов белков и иных жизненно важных компонентов, оказывается настолько мала, что практически равна нулю. Например, даже самая крошечная бактерия, известная как *Mycoplasma Hominis*, включает в себя около шестисот различных типов белков³. Для понимания вероятности формирования таких сложных систем необходимо использовать теорию вероятностей, которая учитывает взаимодействие всех шестисот типов белков и других молекул, обеспечивающих жизнедеятельность клетки. Полученные расчёты показывают цифры, которые сложно охарактеризовать даже как невозможные. Профессор химии из Нью-Йоркского университета, эксперт в области ДНК Роберт Шапиро провёл вычисления вероятности спонтанного образования двух тысяч белков, присутствующих в простой бактериальной клетке. Результат этих расчётов оказался ошеломляющим: вероятность составляет один шанс из 10^{40000} , что представляет собой число с сорока тысячами нулей после единицы⁴.

Таким образом, возникновение таких сложных биологических структур, как белки и клетки, не может быть объяснено только случайными процессами. Это ставит под сомнение теории, основывающиеся исключительно на вероятностных механизмах, и подчёркивает необходимость разработки новых подходов к пониманию происхождения жизни. Исследование данной проблемы представляет собой одну из ключевых задач настоящей работы и имеет важное значение для дальнейшего развития молекулярной биологии и биохимии. В следующей части мы подробно рассмотрим существующие гипотезы и модели, описывающие возможные механизмы формирования

3 Колесникова Е.А., Бруснигина Н.Ф., Махова М.А., Алексеева А.Е. Структура генома клинических изолятов *Mycoplasma hominis*, устойчивых к ципрофлоксацину // Acta Naturae. 2020. Т. 12. № 1 (44). С. 57.

4 Shapiro R. Origins: A Sceptic's Guide to the Creation of Life on Earth. New York (N.Y.), 1986. P.127.

белковых молекул, и оценим их состоятельность в свете современных научных данных.

Стереохимия белков и их роль в молекулярной биологии: анализ L- и D-аминокислот в биосинтезе

Белки, являясь основными строительными блоками живых организмов, выполняют множество критически важных функций, включая структурную поддержку клеток, катализ биохимических реакций и транспорт молекул. Для выполнения этих функций белки должны иметь специфическую трёхмерную структуру, которая, в свою очередь, определяется последовательностью аминокислот. Однако не только последовательность важна: все аминокислоты, входящие в состав белков, должны быть в L-форме — стереоизомере, который встречается исключительно в живых организмах⁵.

Этот феномен, когда в белках присутствуют исключительно L-стереоизомеры аминокислот, является чрезвычайно значимым. В обычных химических реакциях, стереоизомеры D и L образуются с одинаковой вероятностью, что приводит к образованию рацемической смеси, неактивной в оптическом отношении. Аминокислоты L и D-формы отличаются пространственным расположением атомов подобно тому, как правая и левая руки человека являются зеркальными отражениями друг друга. Тем не менее в живых системах наблюдается исключительно L-форма. Это обусловлено специфичными ферментами, которые синтезируются аминокислотами и обладают стереоспецифичностью благодаря асимметрии активных центров⁶.

Исследования показывают, что даже минимальное присутствие D-аминокислот в полипептидной цепи делает белок нефункциональным. Это наблюдение подтверждается экспериментами с бактериями, которые способны расщеплять D-аминокислоты или преобразовывать их в L-форму, пригодную для использования в метаболических процессах. Одним из примеров такого подхода является исследование бактерии *Bacillus subtilis*, демонстрирующей уникальные биохимические способности, включая метаболизм D-аминокислот.

Bacillus subtilis — это грамположительные почвенные бактерии, которые обладают высоким уровнем адаптации к различным условиям окружающей среды. Одной из способностей, привлекающих внимание

5 Nelson D.L., Cox M.M. Lehninger Principles of Biochemistry. New York (N.Y.), ©2022. P. 364.

6 Ibid. P. 365.

исследователей, является их умение расщеплять D-аминокислоты и преобразовывать их в L-формы, пригодные для метаболических процессов. Определённые D-аминокислоты, такие как D-лейцин, D-метионин, D-триптофан и D-тирозин, обнаружены на поздних стадиях развития биоплёнки и демонстрируют способность вмешиваться в синтез белков. Эти вмешательства приводят к ошибочному включению D-аминокислот в белковые структуры, вызывая протеотоксичность, что препятствует нормальному формированию биоплёнок⁷. Это свойство имеет важное значение для понимания биохимической пластичности и адаптационных механизмов микроорганизмов.

Такой эффект обусловлен тем, что D-аминокислоты, являясь стереоизомерами своих L-форм, не могут правильно интегрироваться в обычные биосинтетические пути, что нарушает функциональность белков. Интересным аспектом, выявленным в исследовании, стала способность L-аминокислот нейтрализовать ингибирующие эффекты своих D-аналогов, что указывает на специфическое взаимодействие между энантиомерами. Важным открытием данного исследования в этом контексте является выявление мутации *Bacillus subtilis* в гене *dtd*, который демонстрируют способность эффективно преобразовывать D-формы в L-формы с помощью таких ферментов, как D-тирозил-tРНК-деацилаза, который удаляет D-тирозин из tРНК, предотвращая его ошибочное встраивание в белки⁸. Это частный случай в более широком классе D-аминоацил-tРНК-деацилаз, которые выполняют аналогичные функции для различных D-аминокислот. Этот фермент удаляет D-аминокислоты из неправильно заряженных tРНК, предотвращая их включение в белки и способствуя их дальнейшему преобразованию в пригодные для метаболизма формы⁹.

Пример с *Bacillus subtilis* можно использовать в апологетических аргументах как свидетельство изящества и целесообразности биологических систем, что может быть интерпретировано как проявление разумного замысла в природе. Способность бактерий адаптироваться и оптимизироваться под различные условия путём сложных

7 Leiman S.A., May J.M., Lebar M.D., et. al. D-Amino Acids Indirectly Inhibit Biofilm Formation in *Bacillus subtilis* by Interfering with Protein Synthesis // Journal of Bacteriology. 2013. Vol. 195. № 23. P. 5392.

8 Ibid. P. 5392.

9 Шарипова М.Р., Шарипова М.Р., Марданова А.М., Рудакова Н.Л., Пудова Д.С. Бистабильность и формирование матрикса биоплёнки как механизмы адаптации *Bacillus subtilis* в стационарной фазе // Микробиология. 2021. Т. 90. № 1. С. 36.

биохимических преобразований может служить иллюстрацией глубокой взаимосвязи и интеграции природных процессов.

Если бы живые организмы возникли случайным образом, как предполагают различные эволюционные теории, то следовало бы ожидать равного количества L- и D-аминокислот в белках. Однако это не так: в белках обнаруживаются исключительно L-аминокислоты, что указывает на наличие неслучайного, целенаправленного процесса отбора.

Такая стереоспецифичность в биохимических процессах приводит к возникновению вопроса: какова вероятность того, что такие сложные и точные процессы могли возникнуть случайно? В рамках апологетических аргументов это может использоваться как свидетельство в пользу идеи о целенаправленном проектировании, поскольку вероятность случайного возникновения столь упорядоченной системы крайне мала. Эта аргументация может быть использована для защиты концепции того, что сложные биологические системы не являются продуктом случайных мутационных событий, а следуют определённым биофизическим и биохимическим законам, которые могут восприниматься как свидетельство существования сверхъестественного замысла.

Таким образом, создание функционального белка требует не только правильной последовательности и набора аминокислот, но и их строгой L-конфигурации. Присутствие D-аминокислот в белке недопустимо, поскольку это нарушает его функциональность и структурную целостность.

Уникальная способность живых клеток синтезировать только L-аминокислоты поддерживает апологетическую позицию, состоящую в том, что жизнь с её сложными и специфическими биохимическими механизмами вряд ли могла возникнуть и развиваться исключительно в результате случайных процессов. Это служит основой для аргументов, утверждающих, что за сложностью и упорядоченностью жизни может стоять разумный замысел.

Включение научных данных о *Bacillus subtilis* в апологетические дискуссии демонстрирует, как интеграция естественнонаучных знаний может обогатить философские и религиозные дебаты. Это подчёркивает важность междисциплинарного подхода в современном академическом исследовании, который позволяет более полно и глубоко осмыслить сложные вопросы, касающиеся происхождения и устройства жизни.

Этот феномен не ограничивается только белками. Аналогичная ситуация наблюдается и с нуклеотидами, которые являются строительными

блоками ДНК и РНК. В отличие от аминокислот, нуклеотиды в ДНК и РНК представлены исключительно в β -D-фуранозной форме, что также не поддается объяснению с точки зрения случайности¹⁰. Эта стереохимическая форма важна для правильного функционирования нуклеиновых кислот, так как она обеспечивает правильную спиральную структуру и взаимодействия, необходимые для биологических процессов. ДНК и РНК состоят из нуклеотидов, содержащих 5-углеродный сахар, азотистое основание и одну или несколько фосфатных групп. В ДНК сахаром является дезоксирибоза, а в РНК — рибоза. D-форма относится к конфигурации сахарного компонента в этих нуклеотидах, что является важным для правильной функции и структуры нуклеиновых кислот. D-форма, особенно в компоненте сахара рибозы, позволяет формировать правозакрученную двойную спираль ДНК и различные структуры РНК. Эта структурная особенность играет ключевую роль в процессах репликации ДНК, транскрипции и трансляции, где специфическая ориентация нуклеотидов имеет важное значение¹¹. Эксклюзивное присутствие D-формы нуклеотидов в ДНК и РНК является фундаментальным аспектом молекулярной биологии, обеспечивая стабильность и функциональность генетического материала во всех формах жизни.

Необходимо также отметить, что D-форма нуклеотидов критически важна для правильного функционирования ДНК и РНК, обеспечивая стабильность и передачу генетической информации. Этот аспект может подчеркивать, что жизненные процессы были изначально задуманы для достижения определённой цели и устойчивости, что соответствует представлениям о преднамеренности в божественном замысле.

Наконец, наличие строгих биохимических правил, таких как использование исключительно D-формы в нуклеотидах, может служить признаком порядка и рациональности в природе. Это соответствует идее о разумности и рациональности в божественном замысле, что является важным аспектом апологетических аргументов.

Научные исследования показывают, что вероятность случайного образования белка из 400 аминокислот исключительно из L-формы чрезвычайно мала и составляет 2^{-400} ($\sim 10^{-120}$), что примерно 1 к 10^{120} . Для сравнения, количество электронов на Земле оценивается в 10^{79} . Эти цифры демонстрируют, что вероятность самопроизвольного формирования

10 Алимова Ф.К., Невзорова Т.А. Обмен нуклеиновых кислот: учебное пособие для вузов. Казань, 2009. С. 10.

11 Minchin S.D., Lodge J. Understanding Biochemistry: Structure and Function of Nucleic Acids // Essays in Biochemistry. 2019. Vol. 63. № 4. P. 435.

функционального белка практически ничтожна, что ставит под сомнение гипотезу случайного возникновения жизни.

Таким образом, современные научные данные указывают на то, что белки и их структурные компоненты демонстрируют высокую степень специфичности, которая не может быть объяснена лишь случайностью. Это поднимает важные вопросы о механизмах, лежащих в основе возникновения жизни на Земле, и требует дальнейших углубленных исследований для более глубокого понимания этих процессов. В данной статье мы намерены исследовать эти аспекты более детально, чтобы внести вклад в наше понимание фундаментальных принципов, управляющих жизнью на молекулярном уровне.

Пептидные связи и вероятность случайного образования белковых структур: естественно-научное обоснование целенаправленного замысла

При изучении аргументов, поддерживающих идею разумного замысла в природе, особое внимание стоит уделить процессу белкового синтеза. Этот аспект биологии демонстрирует удивительную сложность и точность механизмов, которые, по мнению сторонников этой идеи, свидетельствуют о наличии целенаправленного устройства в живых организмах. Белки, являясь одними из самых сложных и жизненно важных молекул, играют ключевую роль в поддержании и регулировании биологических процессов. Однако их образование требует соблюдения строгих условий, что вызывает сомнения в возможности их случайного возникновения и, следовательно, может служить убедительным аргументом в защиту идеи разумного замысла.

Одним из ключевых аспектов формирования белков является необходимость соединения аминокислот посредством специфической пептидной связи¹². Несмотря на многообразие способов, которыми аминокислоты могут взаимодействовать друг с другом, только пептидные связи обеспечивают образование полноценной белковой структуры, способной выполнять биологические функции. Если хотя бы одна аминокислота соединяется с другой неподходящим способом, то есть отличным от пептидной связи, это делает всю молекулу непригодной к выполнению своих функций.

Современные экспериментальные исследования, в частности работа Ф. Мюллера, посвящённая моделированию пребиотически

12 Nelson D.L., Cox M.M. Lehninger Principles of Biochemistry. P. 360.

правдоподобных сценариев формирования РНК-пептидных систем, показывают, что даже в таких условиях образование пептидной (амидной) связи между аминокислотами происходит с выходом порядка 50 %, тогда как в отдельных, более благоприятных, экспериментальных системах могут наблюдаться более высокие значения¹³. Это говорит о том, что значительная часть химических соединений аминокислот не приводит к формированию упорядоченных пептидных цепей, характерных для натуральных белков.

Более того, для успешного формирования белковой молекулы необходимо, чтобы все аминокислоты были в L-форме, что значительно усложняет процесс. Каждая аминокислота должна не только иметь правильную стереохимическую форму, но и соединяться с соседними аминокислотами исключительно пептидной связью. Вероятность достижения такого результата случайным образом чрезвычайно низка. Например, для белка, содержащего 400 аминокислот, вероятность случайного соединения их всех пептидными связями составляет всего лишь 1 против 2^{399} .

Эти поразительные сложность и точность, необходимые для образования белков, предоставляют мощный аргумент в пользу того, что такие процессы не могли произойти исключительно в результате случайных эволюционных изменений. Это свидетельствует о возможном существовании направляющего механизма или принципа, что может служить основой для апологетических аргументов, утверждающих необходимость разумного замысла в устройстве живой природы. Таким образом, естественно-научные данные о белках и их образовании могут быть интерпретированы в пользу того, что сложность жизни свидетельствует о наличии намеренного процесса, направленного на создание жизни в её многообразии и сложности.

В одной молекуле жизненно важного белка гемоглобина содержится 574 аминокислоты¹⁴. Если представить себе, что в каждой кровяной клетке, которых в нашем теле миллиарды, содержится 280 миллионов молекул гемоглобина¹⁵, то для образования только одного такого белка методом проб и ошибок необходимо время, превышающее протяжённость истории человечества. Иными словами, если даже допустить, что аминокислоты со дня возникновения жизни на Земле методом проб

13 Müller F., Escobar L., Xu F., Wegrzyn E., Nainytė M., et al. A Prebiotically Plausible Scenario of an RNA–Peptide World // *Nature*. 2022. Vol. 605. P. 283.

14 Nelson D.L., Cox M.M. *Lehninger Principles of Biochemistry*. P. 386.

15 Гематология: национальное руководство / ред. О. А. Рукавицына. Москва, 2019. С. 239.

реакции, зафиксированном в работе Ф. Мюллера, можно условно принять вероятность образования пептидной связи между двумя аминокислотами равной пятидесяти процентам (50%), что составляет $\frac{1}{2}$;

- вероятность соединения двух аминокислот пептидной связью равна $= \frac{1}{2}$;
- вероятность соединения пятисот аминокислот этой связью равна $= \frac{1}{2^{499}} \approx \frac{1}{10^{150}} \approx [10^{-150,21}]$;

Итог: одна вероятность против 10^{150} возможных.

Произведение вероятностей: $P(A \cap B \cap C) = P(A) \cdot P(B) \cdot P(C) =$
 $= \frac{1}{10^{650}} \times \frac{1}{10^{150}} \times \frac{1}{10^{150}} = \frac{1}{10^{951}}$

- одна вероятность против 10^{951} .

Вывод: невозможность случайного образования белка.

Результаты подсчётов, приведённых для того, чтобы показать вероятность образования белка, содержащего пятисот аминокислот, являются действительными только в идеальных (не встречающихся в естественной среде) условиях. Современная биология не располагает данными о существовании природных механизмов, осуществляющих стохастический поиск (метод перебора) при синтезе белковых молекул. Вероятность получения нужного белка воображаемым механизмом равна 1 против 10^{951} . Образование белка в природной среде таким образом невозможно практически.

Из этого следует, что спонтанные химические реакции, происходящие в неорганической среде, образуют простейшие и примитивные соединения, количество и вид которых известен и ограничен. Для получения более сложных химических веществ необходимы большие фабрики и лаборатории. Образование белка в результате простой химической реакции невозможно. Для последующей жизнеспособности белка его необходимо изолировать от естественной среды. В противном случае белок разрушится или потеряет свою специфичность.

Таким образом, в данной статье представлено детальное рассмотрение вероятностных и стереохимических аспектов формирования белков, что позволяет углубиться в аргументацию апологетики с точки зрения естественных наук. Проведённый анализ демонстрирует крайне низкую вероятность случайного возникновения функциональных белковых структур, что в значительной степени исключает возможность их спонтанного образования в условиях ранней Земли. Эти данные подкрепляют гипотезу о существовании направленных процессов

или целенаправленного замысла, которые могли бы сыграть решающую роль в формировании сложных биологических молекул.

Особое внимание уделено стереохимическому феномену, заключающемуся в присутствии исключительно L-форм аминокислот в белках, что свидетельствует о высокой степени специфичности и точности биологических процессов. Эта специфика, характерная также для ДНК и РНК, указывает на существование упорядоченности и рациональности в природе.

В результате исследование не только вызывает сомнения в отношении случайных механизмов возникновения жизни, но и открывает новые перспективы для интеграции научных данных и теологических концепций. Из этого следует, что необходимо продолжать исследования в данной области, а также развивать междисциплинарные подходы, которые могут способствовать более глубокому пониманию сложных вопросов о происхождении и устройстве жизни на Земле.

Границы применимости комбинаторной вероятностной модели при поэтапном формировании белковых структур

Проведённые выше вероятностные оценки относятся к строго определённой постановке вопроса. В них рассматривается ситуация, при которой функциональная биомолекула возникает как результат сочетания множества возможных вариантов без предварительно заданного механизма наследования и без поэтапного закрепления возникающих изменений. В этом контексте расчёты позволяют показать, что простая отсылка на «случайность», понимаемую как равновероятное сочетание независимых комбинаций, не даёт достаточного объяснения появления специфически организованных функций.

Вместе с тем необходимо уточнить, что такая постановка не охватывает современного естественно-научного подхода к происхождению биологических структур. В научной литературе происхождение биополимеров рассматривается как процесс, включающий накопление изменений, различные формы отбора и химические ограничения среды. Вероятность в подобных моделях описывает изменение распределений во времени, а не единичное совпадение. Поэтому корректнее говорить о пределах применимости комбинаторного расчёта, а не о его универсальности.

Подобное различие отмечается и в работах, посвящённых анализу границ применения математических моделей к вопросам происхождения

биологических структур. Д. Розенхаус обращает внимание на то, что численные оценки нередко зависят от исходных допущений, и потому необходимо анализировать именно эти допущения, а не только получаемые числа¹⁷. Он также отмечает, что развитие популяционной генетики показало значительную роль отбора как фактора, изменяющего частоты вариантов в популяции¹⁸. Это уточнение важно и для данного исследования: приведённые расчёты направлены против упрощённого понимания «случайности», но не против самой идеи отбора.

Однако признание роли естественного отбора функциональных молекулярных систем требует строгого определения исходных условий, при которых данный механизм становится теоретически и эмпирически реализуемым. Такой отбор возможен лишь при наличии устойчивого воспроизведения молекулярных структур, когда химические процессы повторяются с достаточной степенью регулярности. Данная зависимость особенно отчётливо выявляется в исследованиях пребиотической химии. Это прямо отмечается в работах посвящённых реакции присоединения аминокислоты к РНК, где прямо отмечается, что при отсутствии заметного исходного уровня этой реакции трудно представить направляющее давление отбора, способное направлять формирование рибозимов, усиливающих данный процесс¹⁹. Иначе говоря, прежде чем говорить о селективном закреплении, необходимо показать, что соответствующая химическая реакция хотя бы возникает и воспроизводится в определённых условиях.

Теоретический анализ статистических моделей естественного отбора биологических популяций позволяет уточнить границы применения вероятностных расчётов. Как показывают П. Маттен и А. Арью в обсуждении работы Ф. Стерпетти, при наличии наследуемых различий вероятность увеличения частоты более приспособленных вариантов выше, чем менее приспособленных; это выражается как строгое математическое соотношение²⁰. Вероятность здесь — язык описания динамики, а не указание на случай как объясняющую причину. Следовательно, перенос подобных статистических моделей на доклеточные

17 *Rosenhouse J.* The Failures of Mathematical Anti-Evolutionism. Cambridge, 2022. P. 8.

18 *Ibid.* P. 9.

19 *Radakovic A., Lewicka A., Todisco M. et al.* A Potential Role for RNA Aminoacylation Prior to Its Role in Peptide Synthesis // *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* 2024. Vol. 121. № 35. P. 1.

20 *Sterpetti F.* Mathematical Explanations in Evolutionary Biology or Naturalism? A Challenge for the Statisticist // *Foundations of Science.* 2022. Vol. 27. P. 1100.

химические системы возможен лишь тогда, когда продемонстрированы устойчивость и повторяемость соответствующих реакций.

Схожая проблема выявляется в экспериментальных моделях копирования РНК. В работе С. Чжана, Д. Дуздевича и Д. Шостака показано, что условия, необходимые для активации нуклеотидов, оказываются несовместимыми с условиями удлинения цепи при копировании²¹. В частности, избыток 2-аминоимидазола, необходимый для активации нуклеотидов, препятствует накоплению промежуточного соединения, от которого зависит дальнейшее удлинение цепи²². Это указывает на необходимость согласования химических стадий и подчёркивает, что одних общих ссылок на отбор недостаточно без анализа конкретных условий осуществимости процесса.

Дополнительное уточнение вносит обсуждение гомохиральности, поскольку данный феномен рассматривается в контексте механизмов самоподдерживающегося усиления хиральной асимметрии в химических системах. Однако рассмотренные в настоящем исследовании публикации свидетельствуют о том, что данный вопрос остаётся открытым. В обзоре, посвящённом этой проблематике, прямо отмечается, что гомохиральность на Земле рассматривается как ситуация, требующая объяснения²³. Следовательно, устойчивое преобладание одной хиральной конфигурации требует специального объяснения и не выводится напрямую из общей химической динамики системы. В том же обзоре подчёркивается, что без предварительного преобладания молекул одной пространственной формы дальнейшее развитие химических процессов считалось затруднительным. Иначе говоря, для перехода к более сложным системам необходимо было, чтобы из изначально симметричной смеси возникло преимущество одной формы над другой. Такое нарушение симметрии рассматривалось как обязательное условие²⁴. Это означает, что даже в рамках естественно-научного подхода признаётся зависимость дальнейшего развития процессов от определённых исходных параметров.

Рассматривая возможные механизмы усиления асимметрии, автор обзора ссылается на работы Блэкмонд, где обсуждается автокатализ

21 Zhang S.J., Duzdevich D., Szostak J.W. Potentially Prebiotic Activation Chemistry Compatible with Nonenzymatic RNA Copying // *Journal of the American Chemical Society*. 2020. Vol. 142. P. 14811.

22 Ibid. P. 14810.

23 Weller M.G. The Mystery of Homochirality on Earth // *Life*. 2024. Vol. 14. № 341. P. 5.

24 Ibid.

как потенциально важный механизм в формировании хирального избытка в реакционной системе²⁵. Вместе с тем подчёркивается, что остаётся трудным объяснить, каким образом автокаталитические процессы малых молекул могли устойчиво функционировать в условиях ранней Земли²⁶. Следовательно, указание на самоподдерживающиеся реакции не снимает вопроса о конкретных условиях их реализации.

Таким образом, обращение к самоорганизации не устраняет проблему, а переводит её в плоскость анализа механизмов и физических условий, при которых возможна устойчивость процесса. Это полностью согласуется с логикой настоящего исследования: вопрос не в отрицании естественных процессов, а в уточнении требований к их осуществимости.

Подобное требование уточнения исходных условий возникает и при анализе пространства белковых последовательностей. В теоретических оценках это пространство описывается комбинаторной формулой 20^L , поскольку каждая позиция может быть занята одной из двадцати стандартных аминокислот. Указывается, что пространство аминокислотных последовательностей длины L равно 20^L и представляет собой астрономически большое число даже при сравнительно небольшой длине белка²⁷. Вместе с тем в прикладной практике белковой инженерии поиск функционально активных вариантов аминокислотной последовательности конкретного белка обычно ограничивается последовательностями, отличающимися от природной (дикого типа) лишь несколькими мутациями; при этом даже такое ограниченное множество возможных мутационных вариантов остаётся практически неперебираемым²⁸. Это показывает, что реальные процессы не предполагают глобального перебора всех возможных аминокислотных комбинаций.

В статистических моделях аминокислотных последовательностей вместо предположения о равной вероятности всех возможных последовательностей рассматривается вероятностная функция $P(a_1, \dots, a_L)$, учитывающее ограничения в отдельных позициях и взаимосвязи между ними²⁹. Авторы подчёркивают, что задача построения такого распределения крайне сложна именно из-за огромного числа возможных

25 Weller M.G. The Mystery of Homochirality on Earth. P. 5.

26 Ibid.

27 Michael R., Kæstel-Hansen J., Mørch Groth P. et al. A Systematic Analysis of Regression Models for Protein Engineering // PLOS Computational Biology. 2024. Vol. 20. № 5. P. 3.

28 Ibid.

29 Trinquier J., Uguzzoni G., Pagnani A. et al. Efficient Generative Modeling of Protein Sequences Using Simple Autoregressive Models // Nature Communications. 2021. Vol. 12. № 5800. P. 2.

комбинаций³⁰. При этом явно моделируются как распределения аминокислот по отдельным позициям последовательности, так и их взаимосвязи³¹.

Работы, посвящённые изменению аминокислотных последовательностей белков, показывают, что такие последовательности изменяются под действием мутаций и последующего отбора по проявляемым функциональным свойствам³². При этом возможны случаи, когда белки существенно различаются по аминокислотному составу — до 70–80 %, — но сохраняют сходные структурные и функциональные свойства³³. Это означает, что сохранение определённого функционального состояния не обязательно связано с единственной строго определённой аминокислотной последовательностью; допустимы различные пути изменений при сохранении той же функции.

Эта современная критика существенно уточняет интерпретацию комбинаторных оценок. Она показывает, что изменения аминокислотных последовательностей белков происходят не путём произвольного перебора всех возможных комбинаций, а в рамках ограниченных мутационных преобразований с последующим отбором по сохраняемой функции. Однако такой подход не отвечает на вопрос о начальном этапе возникновения биохимических систем, на котором ещё не продемонстрирована возможность устойчивого воспроизведения молекулярных структур. Рассматриваемые статистические модели и экспериментальные исследования описывают уже функционирующие белки, тогда как проблема возникновения условий, при которых такие системы вообще становятся возможными, остаётся открытой.

Таким образом, приведённые вероятностные оценки следует понимать как анализ определённой модели, в которой возникновение биохимической функции белка рассматривается как результат случайного сочетания аминокислотных последовательностей без учёта механизмов наследования и поэтапного закрепления изменений. Учёт естественного отбора, автокаталитических реакций и статистических моделей распределения аминокислотных последовательностей делает обсуждение более точным, но одновременно подчёркивает необходимость

30 *Trinquier J., Uguzzoni G., Pagnani A. et al.* Efficient Generative Modeling of Protein Sequences Using Simple Autoregressive Models. P. 2.

31 *Ibid.*

32 *Bisardi M., Rodriguez-Rivas J., Zamponi F. et al.* Modeling Sequence-Space Exploration and Emergence of Epistatic Signals in Protein Evolution // *Molecular Biology and Evolution*. 2022. Vol. 39. № 1. P. 1.

33 *Ibid.*

строного анализа исходных химических условий, при которых такие процессы вообще могут осуществляться.

Вероятностная модель в данной работе используется не как отрицание естественно-научных объяснений происхождения биологических структур, а как инструмент выявления тех аспектов проблемы, в которых без анализа химической осуществимости и условий повторяемости реакций обращение к естественному отбору остаётся неполным. Даже с учётом постепенных мутационных изменений и естественного отбора по функциональным свойствам сохраняется необходимость объяснить, каким образом на начальном этапе формирования биохимических систем возникает устойчивая система реакций, способная к воспроизведению молекулярных структур и закреплению изменений.

Именно в этом контексте далее возникает вопрос о более глубоком основании рациональной упорядоченности мира. Если сами условия воспроизводимости и согласованности процессов требуют объяснения, то возникает необходимость рассмотреть их в более широком онтологическом горизонте. Это и подводит к обращению к понятию Логоса как метафизическому основанию вероятности и порядка бытия.

Логос как метафизическое основание вероятности и рационального порядка мироздания

Математические расчёты показывают, что биополимерные структуры функциональных белков требуют весьма специфических последовательностей и, как следствие, оказываются крайне маловероятными при стихийном образовании. Тот же узор наблюдается и шире: математическая формулируемость законов природы, устойчивость «настроек» (*constants*) и односторонняя форма аминокислот в живых системах образуют систему признаков, которые статистически концентрируются около узких областей параметров. Всё это указывает на то, что упорядоченность мира может быть раскрыта в свете Логоса как всеобщего Разума и Основания постижимости бытия. Именно Логос делает возможным соотношение человеческого разума с разумностью природы, и потому мысль о постижимости мира не случайна, но коренится в его онтологической структуре.

Эта идея получает дальнейшее развитие в современной христианской богословско-философской мысли, которая связывает постижимость мира с онтологической разумностью бытия, укоренённой в Боге как Логосе. Д. Б. Харт выражает это с предельной ясностью: «Бог никогда не бывает без Своего Логоса, через Которого мир сотворён, упорядочен

и поддерживается»³⁴. Отсюда вытекает не дополнительная гипотеза, а первичное объяснение того, почему разум человека (λόγος человеческий) адекватно встречается с разумностью вещей. По словам Д. Харта, «Он Сам — логический порядок всей реальности, основание как субъективной рациональности ума, так и объективной рациональности бытия»³⁵. Таким образом, Бог понимается не как внешняя рациональная причина, добавленная к миру, но как само основание его разумности, его внутренний логический строй. Вера в Бога, отмечает Д. Харт, «позволяет видеть всё существующее — и в его собственном бытии, и в нашем знании — как разумное и упорядоченное»³⁶. Математическая описуемость законов, повторяемость эксперимента и возможность логического вывода мыслятся в качестве следствия глубинного соответствия между разумом и бытием, следствия их внутренней согласованности, происходящей из единого источника — Божественного Логоса.

Из этого следует, что сама возможность говорить о вероятности предполагает существование устойчивых закономерностей. Как замечает В. Пойтресс, без творческой активности Бога не было бы ничего нового и ничего, чему можно было бы приписать вероятность; именно действие Бога порождает устойчивости, которые становятся фоном для распознавания нового³⁷. Следовательно, вероятность не является характеристикой хаоса, но выражением взаимодействия порядка и новизны в сотворённом мире. Это означает, что вероятность возможна лишь на фоне божественно установленного постоянства. Математическое описание крайне маловероятных событий — таких, как образование функциональных белков или хиральная асимметрия аминокислот — возможно лишь потому, что бытие мира изначально носит разумно упорядоченный характер.

Математическая теория вероятностей в этом контексте становится инструментом различения гипотез. Она не доказывает существование Бога, но позволяет выявить, какая из возможных гипотез обладает большей объяснительной силой. Современный философ Э. Лок (A. Loke) проводит систематический анализ и формулирует пять взаимоисключающих категорий объяснений упорядоченности и тонкой

34 Hart D.B. *The Experience of God: Being, Consciousness, Bliss*. New Haven (Conn.); London, 2013. P. 235.

35 Ibid. P. 234.

36 Ibid. P. 17.

37 Poythress V.S. *Chance and the Sovereignty of God: A God-Centered Approach to Probability and Random Events*. Wheaton (Ill.), 2014. P. 147.

настройки мира, стремясь определить наиболее рациональную причину существования Вселенной, пригодной для жизни: случайность, закономерность, их сочетание, беспричинность и замысел³⁸. На основании проведённого анализа он приходит к выводу, что вероятность гипотезы замысла является высокой, то есть она обладает наибольшей объяснительной силой среди альтернативных³⁹.

Этот вывод находит прямое подтверждение в биохимических процессах: чем меньше доля функционально значимых последовательностей (например, рабочих белков) относительно колоссального числа теоретически возможных комбинаций аминокислот, тем ниже вероятность их случайного возникновения. В условиях, когда количество возможных вариантов превышает число атомов в видимой Вселенной, математическое ожидание самосборки жизни стремится к нулю, что делает аргумент о разумном источнике этого порядка и тонкой настройке биологических систем логически более обоснованным и убедительным.

Вместе с тем любая вероятностная аргументация вписана в более широкую эпистемологическую структуру. П. Мангум указывает, что для любого утверждения о знании существуют лишь два непротиворечивых способа его окончательного обоснования — основанная на первом начале и основанная на согласованности⁴⁰. В математике это выражается в необходимости принятия исходных аксиом и ограничения области применимости рассуждения. Та же структура свойственна и философскому осмыслению бытия: человек либо останавливает объяснение на первооснове — Логосе как источнике рациональности, либо замыкается в круге согласований, не достигая первоисточника самой разумности. В первом случае вероятностная аргументация становится мостом от эмпирических фактов к метафизическому объяснению, обладающему большей объяснительной силой; во втором — остаётся внутри самодостаточного круга, не отвечающего на вопрос о причине самой рациональной структуры реальности.

Такое понимание естественно завершается утверждением о постоянном творческом действии Бога. Г. Джионти подчёркивает, что Бог творит мир и все создания, вводя их в бытие, сокращая до нуля расстояние между Собой и ими, и поддерживает Своё творение, непрестанно удерживая тварей в существовании (*лат. creatio continua*). Творение,

38 Loke A. The Teleological and Kalam Cosmological Arguments Revisited. Cham, 2022. P. 185.

39 Ibid. P. 322.

40 Mangum C.R. The Nature of Reasoning in Theology, Philosophy, and Mathematics // ACMS Journal and Proceedings. May 2023. Vol. 23. P. 199. [27 Aug 2025. P. 5].

по словам Г. Джиинти, есть «отношение между Отцом и Сыном, Который есть Логос, через Которого Отец творит мир и благодаря Которому творение имеет логическую структуру»⁴¹. Учёный отмечает также, что существует внутренняя взаимодополнительность между космологией «Большого взрыва» и учением о *creatio ex nihilo*: первая естественным образом описывает физический уровень бытия, тогда как вторая отвечает на вопрос о Первоисточнике этого бытия; обе сферы не противоречат, а дополняют друг друга, принадлежа к разным, но согласованным магистериям⁴².

Это действие Бога не противостоит физическим причинам, но образует онтологическую основу их существования. Наука раскрывает механизмы, вера — первое основание бытия; их комплементарность выражает ту внутреннюю согласованность, о которой говорилось выше. Если упорядоченность мира и его математическая постижимость свидетельствуют о согласии разума и бытия, если вероятностные модели показывают пределы случайности и превосходство разумного порядка, а логическая структура мироздания удерживается в бытии непрерывным актом Творца, то Логос выступает предельным Основанием мира, источником его разумной упорядоченности. В этом смысле вера не противопоставлена знанию, а раскрывает его возможность, ибо, как говорит Д. Харт, вера в Бога позволяет видеть всё существующее как разумное⁴³.

Таким образом, рассмотрение математической структуры мироздания и её вероятностных характеристик позволяет выявить внутреннее единство рационального порядка бытия. Математическая формулируемость законов природы, стабильность физических констант и упорядоченность биологических структур свидетельствуют о фундаментальной разумности мира, не сводимой к случайности или необходимости. Эта разумность, согласно христианскому богословию, имеет своё основание в Логосе — Божественном Разуме, через Которого всё сотворено и поддерживается в бытии.

Вероятностные модели, как показано в трудах Э. Лока и В. Пойтресса, не устраняют теологическое измерение, но, напротив, указывают на необходимость метафизического фундамента для самой возможности закономерностей и порядка. Эпистемологическая структура

41 Gionti G.S.J. God and the Big-Bang: Past and Modern Debates Between Science and Theology. Vatican City; Frascati, 2024. P. 11.

42 Ibid. P. 12.

43 Hart D.B. The Experience of God: Being, Consciousness, Bliss. P. 234.

познания, о которой пишет Ч. Мангум, требует первоосновы, выходящей за пределы круговых обоснований — и в богословском смысле эта первооснова раскрывается как Логос. Наконец, в свете богословия творения, выраженного Г. Джионти, мир пребывает в бытии не сам по себе, но через непрестанное действие Творца, Который не только положил начало, но и удерживает всё существующее в гармонии и согласии.

Следовательно, современное естественно-научное знание, обращённое к глубинным закономерностям мироздания, не противопоставляется вере, а подтверждает её интуицию: разумность мира и его математическая постижимость коренятся в вечном действии Логоса, Который есть источник бытия, порядка и познания.

Итоги

Проведённое исследование позволило рассмотреть вопрос о вероятности случайного возникновения белковых структур не только с точки зрения комбинаторной математики и биохимии, но и в свете богословского осмысления рациональной упорядоченности мира. Показано, что математические модели, описывающие вероятность случайного формирования функциональных белков, выявляют её крайне низкие значения, фактически приближающиеся к нулю. Эти данные свидетельствуют о несостоятельности гипотез, опирающихся исключительно на случайность, и открывают возможность для осмысления природного порядка как проявления внутренней разумности мироздания.

Анализ стереохимических особенностей биомолекул, в частности присутствия исключительно L-форм аминокислот и D-конфигурации нуклеотидов, демонстрирует неслучайность и закономерность процессов, лежащих в основании жизни. В богословской перспективе эти феномены могут быть поняты как следствие действия Логоса — Божественного Разума, поддерживающего онтологическую структуру бытия. Такое понимание не противопоставляет веру и науку, а, напротив, выявляет их внутреннее согласие: вера указывает на первооснову рационального порядка, а наука раскрывает его проявления в конкретных законах природы.

Однако данное исследование не претендует на исчерпывающее разрешение всей проблемы происхождения жизни, а сосредоточено на анализе вероятностных ограничений случайного формирования функциональных белковых молекул. Раздел о границах применимости комбинаторного вероятностного подхода уточняет, в каких пределах корректно производятся расчёты: оценивается вероятность

самопроизвольного возникновения конкретных аминокислотных последовательностей, способных сформировать устойчивую пространственную структуру и выполнять биологическую функцию.

Даже при допущении поэтапного образования полипептидных цепей и частичной стабилизации их промежуточных состояний сохраняется ключевое условие — необходимость точного соответствия между аминокислотной последовательностью, формированием трёхмерной конфигурации белка и его работоспособностью. Именно эта совокупность требований резко сужает число допустимых аминокислотных последовательностей, способных образовать работоспособный белок.

В работе не рассматривались подробно физико-химические условия ранней Земли и конкретные гипотезы постепенного химического усложнения органических соединений и полимерных структур, поскольку даже при последовательном увеличении их сложности остаётся нерешённым вопрос о вероятности возникновения функционально пригодной белковой структуры. Полученные выводы относятся только к вероятностной стороне проблемы и показывают, что модели случайного происхождения белков сталкиваются с существенными ограничениями, требующими более глубокой интерпретации — в том числе в свете богословского понимания мира как рационально устроенного и основанного на Логосе.

Перспективы дальнейших исследований видятся в развитии интердисциплинарной модели «логосного реализма», объединяющей естественнонаучные и богословские подходы к пониманию происхождения порядка в мире. Особое внимание может быть уделено разработке понятийного аппарата, описывающего тонкое соотношение между стохастическими (вероятностными) закономерностями, наблюдаемыми в биологии и физике, и их глубоким метафизическим основанием. Такой подход способен углубить диалог между богословием и современными науками о жизни, открывая путь к формированию более целостного и онтологически обоснованного видения Вселенной как динамичного проявления Божественного Логоса, в котором эмпирически постигаемая сложность и трансцендентная упорядоченность образуют неразрывное единство.

Источники

Дехтярь М. И., Дудаков С. М., Карлов Б. Н. Лекции по дискретной математике: учебник. 3-е изд., испр. и доп. Тверь: Тверской государственный университет, 2021.

Литература

- Алимова Ф. К., Невзорова Т. А. Обмен нуклеиновых кислот: учебное пособие для вузов. Казань: Казанский государственный университет, 2009.
- Колесникова Е. А., Бруснигина Н. Ф., Махова М. А., Алексеева А. Е. Структура генома клинических изолятов *Mycoplasma hominis*, устойчивых к ципрофлоксацину // Acta Naturae. 2020. Т. 12. № 1 (44). С. 56–62. DOI: 10.32607/actanaturae.10941
- Рукавицын О. А. (ред.). Гематология: национальное руководство. Москва: ГЭОТАР-Медиа, 2019.
- Шарипова М. Р., Марданова А. М., Рудакова Н. Л., Пудова Д. С. Бистабильность и формирование матрикса биоплёнки как механизмы адаптации *Bacillus subtilis* в стационарной фазе // Микробиология. 2021. Т. 90. № 1. С. 24–62. doi: 10.31857/S0026365620060178
- Bisardi M., Rodriguez-Rivas J., Zamponi F. et al. Modeling Sequence-Space Exploration and Emergence of Epistatic Signals in Protein Evolution // Molecular Biology and Evolution. 2022. Vol. 39. № 1. DOI: 10.1093/molbev/msab321
- Borel E. Probabilities and Life / transl. from French by M. Baudin. Moscow: University Presses, 1962.
- Gionti G. S. J. God and the Big-Bang: Past and Modern Debates Between Science and Theology. Vatican City; Frascati: Vatican Observatory; INFN – National Laboratories of Frascati, 2024.
- Hart D. B. The Experience of God: Being, Consciousness, Bliss. New Haven (Conn.); London: Yale University Press, 2013.
- Leiman S. A., May J. M., Lebar M. D., Kahne D., Kolter R. et al. D-Amino Acids Indirectly Inhibit Biofilm Formation in *Bacillus subtilis* by Interfering with Protein Synthesis // Journal of Bacteriology. 2013. Vol. 195. № 23. P. 5391–5396. DOI: 10.1128/JB.00975-13
- Loke A. The Teleological and Kalam Cosmological Arguments Revisited. Cham: Palgrave Macmillan, 2022.
- Mangum C. R. The Nature of Reasoning in Theology, Philosophy, and Mathematics // ACMS Journal and Proceedings. May 2023. Vol. 23. P. 195–214.
- Mangum C. R. The Nature of Reasoning in Theology, Philosophy, and Mathematics [текст: электронный] // arXiv.org: [репозиторий]. 27 Aug 2025. P. 1–20. URL: <https://doi.org/10.48550/arXiv.2508.20297> (дата обращения: 7.4.2026).
- Michael R., Kæstel-Hansen J., Mørch Groth P. et al. A Systematic Analysis of Regression Models for Protein Engineering // PLOS Computational Biology. 2024. Vol. 20. № 5. DOI: 10.1371/journal.pcbi.1012061
- Minchin S. D., Lodge J. Understanding Biochemistry: Structure and Function of Nucleic Acids // Essays in Biochemistry. 2019. Vol. 63. № 4. P. 433–456. DOI: 10.1042/EBC20180038
- Müller F., Escobar L., Xu F., Węgrzyn E., Nainytė M. et al. A Prebiotically Plausible Scenario of an RNA–Peptide World // Nature. 2022. Vol. 605. P. 279–284. DOI: 10.1038/s41586-022-04676-3
- Nelson D. L., Cox M. M. Lehninger Principles of Biochemistry. 8th ed. New York (N. Y.): Macmillan Learning, 2022.
- Poythress V. S. Chance and the Sovereignty of God: A God-Centered Approach to Probability and Random Events. Wheaton (Ill.): Crossway, 2014.

- Radakovic A., Lewicka A., Todisco M. et al.* A Potential Role for RNA Aminoacylation Prior to Its Role in Peptide Synthesis // *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2024. Vol. 121. № 35. DOI: 10.1073/pnas.2410206121
- Rosenhouse J.* The Failures of Mathematical Anti-Evolutionism. Cambridge: Cambridge University Press, 2022.
- Shapiro R.* Origins: A Sceptic's Guide to the Creation of Life on Earth. New York (N. Y.): Summit Books, 1986.
- Sterpetti F.* Mathematical Explanations in Evolutionary Biology or Naturalism? A Challenge for the Statisticalist // *Foundations of Science*. 2022. Vol. 27. P. 1073–1105. DOI: 10.1007/s10699-021-09818-w
- Trinquier J., Uguzzoni G., Pagnani A. et al.* Efficient Generative Modeling of Protein Sequences Using Simple Autoregressive Models // *Nature Communications*. 2021. Vol. 12. № 5800. DOI: 10.1038/s41467-021-25756-4
- Weller M. G.* The Mystery of Homochirality on Earth // *Life*. 2024. Vol. 14. № 341. DOI: 10.3390/life14030341
- Zhang S. J., Duzdevich D., Szostak J. W.* Potentially Prebiotic Activation Chemistry Compatible with Nonenzymatic RNA Copying // *Journal of the American Chemical Society*. 2020. Vol. 142. P. 14810–14813. DOI: 10.1021/jacs.0c05300