

АКАДЕМИЯ НАУК СССР  
НАУЧНЫЙ ЦЕНТР БИОЛОГИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЙ

---

Н.Л. ЛУНИНА

УЧЕБНЫЕ ПРОГРАММЫ ПО БИОЛОГИИ.  
БИОСИНТЕЗ БЕЛКА

# МИНИ-ЭВМ

МАТЕРИАЛЫ ПО  
МАТЕМАТИЧЕСКОМУ  
ОБЕСПЕЧЕНИЮ ЭВМ

---

14

ПУЩИНО • 1988

АКАДЕМИЯ НАУК СССР  
НАУЧНЫЙ ЦЕНТР БИОЛОГИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЙ  
НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ВЫЧИСЛИТЕЛЬНЫЙ ЦЕНТР

Н. Л. Лунина

УЧЕБНЫЕ ПРОГРАММЫ ПО БИОЛОГИИ.  
БИОСИНТЕЗ БЕЛКА

Материалы по математическому обеспечению ЭВМ

Выпуск 14

ПУШИНО.1988

УДК 512.519.68

Работа содержит описание программ по теме "Биосинтез белка", являющихся частью пакета учебных программ "Биология в школе".

Программы написаны на языке BASIC для ЭВМ "YAMAH".

Работа предназначена для преподавателей биологии и разработчиков учебного программного обеспечения.

Научный редактор – А.С. Кондрашов.

© Научный центр биологических исследований АН СССР  
в Пущине, 1988 г.

## Введение

Школьный компьютер может служить учителю мощным помощником в обучении. Во-первых, компьютер с его богатыми графическими возможностями может быть использован при объяснении нового материала для иллюстрации различных динамических процессов. Во-вторых, компьютер можно успешно применять в качестве тренажера в процессе усвоения изучаемой темы, многократно создавая ученику проблемные ситуации и требуя от него принятия решений и выполнения определенных действий, направленных на выработку необходимых навыков. Проявленные при этом знания могут оцениваться в соответствии с заложенной в компьютер шкалой оценок. Поэтому с помощью компьютера можно облегчить объяснение и закрепление традиционно трудных для школьников тем в различных учебных курсах, а также объективно контролировать степень их усвоения.

Для поддержки школьного курса биологии в НИВЦ АН СССР разрабатывается пакет учебных программ "Биология в школе". Он содержит программы по различным темам, в первую очередь таким, которые трудны для усвоения при изложении их традиционными методами. Одной из таких трудных тем является тема "Биосинтез белка". В настоящем выпуске описаны программы пакета "Биология в школе" по теме "Биосинтез белка".

Автор приносит благодарность А.С.Кондрашову, А.Г.Мурзину и О.Н.Денисенко за полезные обсуждения биологических аспектов программы. Автор благодарен также преподавателю Пушкинской экспериментальной средней школы В.А.Веньяминовой, использовавшей программы на занятиях по общей биологии и высказавшей ряд ценных замечаний.

### 1. Общая характеристика пакета

Пакет предназначен для учебного класса "УМАНА" следующей конфигурации: машина учителя с дисководом и 15 машин учеников без дисковода, соединенных в локальную сеть.

Пакет содержит программы по разным биологическим темам разного назначения: демонстрационные, моделирующие, контролируемые. Для удобства учителя имеется программа-монитор BIOTEACH, выполняющая следующие функции:

- выбор и запуск нужной программы из списка программ;
- сбор результатов учеников по сети;
- анализ накопленных результатов.

При работе с этой программой учитель указывает выбранную

функцию. Если выбрана первая функция, ему предлагается список тем; для выбранной темы – список программ. Выбранная программа запускается на выполнение и рассылается по сети.

Вторая функция необходима при использовании контролирующей программы для сбора результатов, полученных учениками при работе с программой. При завершении таких программ результаты посылаются в сеть; программа BIOTEACH в указанном режиме эти результаты собирает и сохраняет на магнитном диске (в файле BIO.RES).

Третья функция этой программы позволяет из накопленных на диске результатов выбрать результаты с указанной

- фамилией;
- датой;
- темой.

Возможен выбор результатов с любой комбинацией этих признаков. Выбранные результаты могут быть просмотрены на экране или напечатаны.

## 2. Схема биосинтеза

Изложим схему биосинтеза, принятую в программе. Она содержит определенные упрощения по сравнению с реальной (в частности, иРНК не содержит 5'-нетранслируемого конца; не учитывается возможность неполной комплементарности кодона и антикодона). Однако автор допускает их из методических соображений.

Итак, процесс биосинтеза белка можно схематически представить себе следующим образом:

- расхождение нитей ДНК
- транскрипция (построение информационной РНК)
- движение иРНК к рибосоме
- активация аминокислот
- | движение комплекса тРНК-аминокислота в рибосому
- | удлинение полипептидной цепи
- | продвижение рибосомы по иРНК

Отмеченные чертой действия повторяются до тех пор, пока в рибосоме не окажется терминатор.

Рассмотрим части этой схемы более подробно.

В ядре клетки имеется двойная нить ДНК, которая определяет структуру будущего белка. Нуклеотиды двух нитей ДНК образуют пары по принципу комплементарности: А-Т, Г-Ц. В некоторый момент нити расходятся, и на одной из них из нуклеотидов, имеющихся вокруг в

достаточном количестве, в направлении от 5' → 3' строится РНК по принципу комплементарности:

к А подстраивается У,  
к Г – Ц,  
к Т – А,  
к Ц – Г.

Таким образом, РНК, построенная на одной из нитей ДНК, является копией другой нити с заменой Т на У. Такая РНК называется информационной. После построения она удаляется из ядра, а две нити ДНК вновь смыкаются. Построенная информационная РНК определяет в дальнейшем структуру синтезируемого белка.

Демонстрационная программа работает с ДНК

АТГЦТАГГТГТЦТГА  
ТАЦГАТЦЦАЦАГАЦТ ,

по которой строится иРНК

АУГЦУАГГУГУЦУГА ;

при этом рибосома движется по иРНК в направлении 5' → 3'.

Из ядра иРНК попадает в цитоплазму. Процесс биосинтеза происходит на рибосоме, состоящей из двух субъединиц, неодинаковых по величине, и иРНК должна двигаться так, чтобы "внутри" рибосомы (между субъединицами) оказались 6 нуклеотидов – 2 триплета иРНК. В дальнейшем тРНК, взаимодействующую с левым триплетом, мы будем условно называть "старой" тРНК, с правым – "новой".

Вокруг рибосомы находятся аминокислоты, из которых строится белок. Их существует 20 видов. Чтобы они могли участвовать в построении белка, они должны быть активированы. При активации аминокислота соединяется с транспортной РНК; в этом процессе участвует АТФ и некоторый фермент. Соединение тРНК с аминокислотой происходит не произвольным образом, а в соответствии с таблицей, называемой таблицей генетического кода. В программе используется следующая таблица:

	У	Ц	А	Г	
	Фен	Сер	Тир	Цис	У
У	Фен	Сер	Тир	Цис	Ц
	Лей	Сер	Ж	Ж	А
	Лей	Сер	Ж	Три	Г
	Лей	Про	Гис	Арг	У
Ц	Лей	Про	Гис	Арг	Ц
	Лей	Про	Гли	Арг	А
	Лей	Про	Гли	Арг	Г
	Иле	Тре	Асп	Сер	У
А	Иле	Тре	Асп	Сер	Ц
	Иле	Тре	Лиз	Арг	Г
	Мет	Тре	Лиз	Арг	А
	Вал	Ала	Асп	Гли	У
Г	Вал	Ала	Асп	Гли	Ц
	Вал	Ала	Глу	Гли	А
	Вал	Ала	Глу	Гли	Г

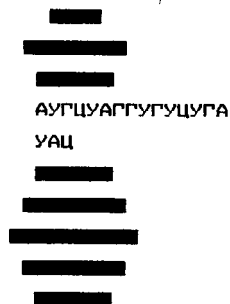
тРНК характеризуется некоторым специфическим триплетом – антикодоном. Каждому антикодону соответствует своя аминокислота. (Заметим, что код этот вырожденный, так как различных триплетов 64, а аминокислот 20, и это свойство необходимо помнить при работе с моделирующей и контролирующей программами.) Таблица отражает соответствие триплетов иРНК и аминокислот. Слева указан первый нуклеотид триплета, сверху – второй, справа – третий; триплету УУУ соответствует фенилаланин (Фен), УУА – серин (СЕР), УАЦ – тирозин (Тир).

Итак, вокруг рибосомы все время происходит процесс активации аминокислот: транспортные РНК, имеющиеся в избытке, соединяются с соответствующими аминокислотами.

Активированные аминокислоты, непрерывно двигаясь, попадают на рибосому. При этом, если антикодон тРНК, доставившей аминокислоту на рибосому, комплементарен триплету иРНК, находящемуся "внутри" рибосомы справа, то тРНК остается на рибосоме, и аминокислота участвует в построении белка; в противном случае тРНК вместе с аминокислотой удаляются из рибосомы, не вступая в реакцию.

"Внутри" рибосомы находятся 2 триплета иРНК. Процесс биосин-

теза всегда начинается с инициатора – триплета АУГ, комплементарным к которому является антикодон УАЦ; тРНК с таким антикодоном соединяется в процессе активации с метионином. Попав на рибосому, тРНК с антикодоном УАЦ занимает положение "старой" тРНК; антикодон УАЦ при этом расположится напротив инициатора АУГ.



Сюда будут поступать тРНК и удаляться, не вступая в реакцию, до тех пор, пока среди них не появится тРНК с антикодоном ГАУ, комплементарным второму триpletу тРНК (такая тРНК будет связана с лейцином). Эта тРНК займет положение "новой". Тут же метионин, до того связанный со "старой" тРНК, порвет эту связь и присоединится к лейцину. "Старая" тРНК удалится из рибосомы. После этого рибосома продвинется по иРНК на 3 нуклеотида так, что теперь вторая тРНК займет место "старой".

Далее события повторятся. На рибосому будут непрерывно поступать аминокислоты до тех пор, пока не появится тРНК с антикодоном ЦЦА, комплементарным третьему триpletу иРНК. Как только эта тРНК окажется в рибосоме, цепочка метионин-лейцин оторвется от "старой" тРНК и присоединится к новой, образуя цепочку метионин-лейцин-глицин. "Старая" тРНК (с антикодоном ГАУ) при этом удалится из рибосомы, а сама рибосома передвинется по иРНК на 3 нуклеотида, так что тРНК с антикодоном ЦЦА займет положение "старой", а на очереди окажется четвертый триplet иРНК. К нему аминокислота (аспарагин) подстроится аналогичным образом.

Процесс биосинтеза заканчивается, когда на рибосоме справа оказывается один из специальных триплетов – терминаторов. Не существует транспортных РНК с соответствующими им антикодонами. При их появлении "внутри" рибосомы связь образовавшейся белковой цепи со "старой" тРНК разрывается; белок, тРНК, иРНК и рибосома расходятся в разные стороны.



### 3. Описание программ

#### 3.1. Демонстрационная программа

Демонстрационная программа BIOSYNTD предназначена для использования при объяснении темы "Биосинтез белка". Она включает несколько подпрограмм, соответствующих этапам биосинтеза. Демонстрация каждого этапа сопровождается соответствующей надписью.

При построении ДНК и генерации тРНК используется датчик случайных чисел. Однако для демонстрационной программы он не инициализируется, поэтому результаты ее работы воспроизводимы.

В качестве первого триплета первой нити ДНК с 5'-конца всегда берется инициатор АТГ, в качестве последнего – один из терминаторов ТАА, ТАГ, ТГА. Остальные нуклеотиды ДНК генерируются случайным образом; при этом проверяется, чтобы в середине ДНК не встретился терминатор.

На экране возникают две нити ДНК. При изображении отражаются относительные размеры пуринов и пиримидинов и количество водородных связей в парах нуклеотидов. Нити расходятся, и начинается построение иРНК к нижней нити. К текущему нуклеотиду ДНК приближаются нуклеотиды РНК, выбираемые в порядке А, Г, У, Ц. "Неправильные" нуклеотиды после некоторого сближения удаляются, а "правильный" остается и достраивает нить иРНК. После построения иРНК она исчезает из ядра, а нити ДНК смыкаются.

иРНК из ядра попадает в цитоплазму и помещается в рибосому. Затем циклически демонстрируются действия:

- активация аминокислоты;
- движение аминокислоты к рибосоме;
- удлинение полипептидной цепи;
- продвижение рибосомы.

Этот процесс заканчивается, когда в рибосоме оказывается терминатор.

При активации аминокислоты тРНК генерируются случайным образом, по 3 за одно выполнение этого действия. Последняя из трех оказывается "нужной". тРНК соединяются с аминокислотами в соответствии с таблицей генетического кода.

После активации трех аминокислот демонстрируется движение аминокислоты к рибосоме. При этом активированные аминокислоты просматриваются в том порядке, как они расположены на экране. Если тРНК "не подходит", то она удаляется из рибосомы. Количество таких неудачных попыток бывает различным. Этот процесс заканчивается, как только в рибосому попадает "нужная" тРНК.

После этого демонстрируется процесс удлинения полипептидной цепи, а затем – процесс продвижения рибосомы по иРНК.

В программе предусмотрена возможность в любой момент повторить весь процесс биосинтеза или текущий этап биосинтеза. Для этого используются функциональные клавиши:

- F1 – вернуться к началу программы;
- F2 – вернуться к началу этапа.

### 3.2. Моделирующая программа

#### Общее описание

Моделирующая программа BIOSYNTM предоставляет учащемуся возможность самому построить белок по сгенерированной случайным образом последовательности ДНК. При этом отслеживается как последовательность действий, так и задание параметров при выполнении некоторых действий. Действия, необходимые для построения белка, выполняются по нажатию функциональных клавиш:

- F2 – построение иРНК
- F3 – движение иРНК к рибосоме
- F4 – активация аминокислоты
- F5 – движение аминокислоты на рибосому
- F6 – удлинение полипептидной цепи
- F7 – продвижение рибосомы по иРНК
- F8 – завершение биосинтеза

(В дальнейшем для краткости изложения мы будем иногда пользоваться названием действия и кодом его функциональной клавиши как синонимами.)

Параметры вводятся нажатием клавиш на алфавитно-цифровой клавиатуре: для ввода нуклеотида "А" нужно нажать клавишу "А" (на русском регистре; безразлично, строчную или прописную).

Ученик имеет возможность запросить подсказку, и ему в зависимости от ситуации будет сообщено либо действие, которое нужно совершить в данный момент, либо правильные параметры, которые нужно задать. Подсказка запрашивается нажатием функциональной клавиши F1.

#### Отслеживание последовательности действий

Ученик имеет возможность начать процесс биосинтеза с одного

из действий: F2 (построение иРНК), F3 (движение иРНК к рибосоме), F4 (активация аминокислоты). Если ученик выбирает F3 или F4, то считается, что предыдущие этапы уже выполнены.

Далее в любой момент программы он имеет право активировать аминокислоты (F4). Ученик имеет возможность либо активировать все необходимые аминокислоты сразу, либо активировать их по одной, а затем перемещать на рибосому.

Когда у ученика имеется хотя бы одна активированная аминокислота и свободный триплет иРНК между субъединицами рибосомы, он может выполнить действие "движение комплекса тРНК-аминокислота к рибосоме" (F5). Заметим, что если он в этот момент запросит подсказку, то ему в качестве допустимых будут указаны действия F4 и F5.

Выполняя действие F5, ученик может ошибиться и поместить на рибосому не ту аминокислоту, которая необходима в данный момент. Такая аминокислота будет выведена за пределы рибосомы, а допустимым действием по-прежнему будет оставаться F5. Как только ученик поместит на рибосому "нужную" аминокислоту, допустимым действием станет удлинение полипептидной цепи (F6). При подсказке будут указаны действия F6 и F4.

После выполнения действия F6 допустимым действием станет продвижение рибосомы по иРНК (F7). После выполнения этого действия "внутри" рибосомы находится очередной свободный триплет иРНК, и допустимым становится движение аминокислоты к рибосоме (F5).

Небольшие отклонения от этой схемы есть в начале биосинтеза. Поместив на рибосому метионин (его кодирует инициатор), ученик должен поместить туда следующую аминокислоту без выполнения действий F6 и F7, т.к. в начальный момент биосинтеза в рибосоме находятся 2 триплета иРНК.

Длина иРНК, с которой работает программа – 15 нуклеотидов. После обработки четырех триплетов иРНК в рибосоме окажется терминатор. В этот момент допустимым действием станет завершение биосинтеза (F8).

#### Построение информационной РНК

Последовательность ДНК генерируется с помощью датчика случайных чисел. В отличие от демонстрационной программы, здесь датчик случайных чисел инициализируется, поэтому разные ученики (и один ученик при повторной работе с программой) работают с разными последовательностями ДНК.

По нажатию клавиши F2 (когда это допустимо) на экране изображаются 2 нити ДНК в сомкнутом виде, затем они расходятся. К нижней нити предлагается построить иРНК. Ученику нужно указать нуклеотид, который в текущий момент должен участвовать в построении иРНК. Если он нажимает клавишу, не соответствующую названию нуклеотида, например, "М", то ему сообщается "В РНК нет нуклеотида М". Если ученик указал существующий, но не подходящий в данный момент нуклеотид, то изображение нуклеотида появится на экране, сближается с ДНК, а затем удаляется и исчезает. Если нуклеотид указан правильно, то его изображение достраивается к нити иРНК.

После построения иРНК она исчезает из ядра, а нити ДНК смыкаются.

#### Движение иРНК к рибосоме

По нажатию клавиши F3 (когда это допустимо) на экране изображается смена места событий, которая на цветном мониторе подчеркивается изменением цвета: желтое ядро исчезает, появляется серая цитоплазма. Затем на экране появляется рибосома, состоящая из двух субъединиц неодинакового размера, и ученику предлагается с помощью стрелок "влево", "вправо", "вверх", "вниз" поместить иРНК между субъединицами рибосомы. Ученик управляет движением иРНК до тех пор, пока ее левый конец не окажется между субъединицами рибосомы. После этого программа "включает автопилот" – устанавливает иРНК так, чтобы "внутри" рибосомы оказалось 2 триплета.

После этого подготовительный этап считается завершенным, и можно приступать собственно к биосинтезу. На экране появляются изображения 20 аминокислот, каждая подписана своим трехбуквенным кодом:

Фен – фенилаланин  
Сер – серин  
Тир – тирозин  
Цис – цистеин  
Лей – лейцин  
Три – триптофан  
Про – пролин  
Гис – гистидин  
Арг – аргинин  
Глу – глутаминовая кислота  
Иле – изолейцин  
Тре – треонин

Асп – аспарагиновая кислота  
Лиз – лизин  
Мет – метионин  
Вал – валин  
Ала – аланин  
Асн – аспарагин  
Гли – глицин  
Глн – глутамин

#### Активация аминокислот

За одно выполнение этого действия ученик может активировать либо одну, либо несколько аминокислот. В соответствии с этим на экране появляется сообщение "Введите триплет тРНК (антикодон) или 'HOME'". Нажатие клавиши 'HOME' является признаком завершения этого действия.

При этом, если ученик нажимает не клавишу 'HOME', то считается, что он вводит антикодон. В углу экрана появляется изображение тРНК в форме клеверного листа, и нажатые клавиши считаются первыми буквами названий нуклеотидов; эти буквы появляются рядом с изображением тРНК. Если ученик нажимает клавишу, не соответствующую названию нуклеотида, например, "K", то появляется сообщение "В РНК нет нуклеотида K". Если ученик ошибочно введет название существующего нуклеотида, он может исправить ошибку, нажав клавишу 'BS'; изображение последней введенной буквы при этом исчезнет. После введения трех букв почти всегда изображается процесс активации – соединение указанной тРНК с аминокислотой, соответствующей этому антикодону (по таблице генетического кода). Однако в двух случаях этого не происходит: во-первых, если введенный триплет соответствует терминатору, а во-вторых, если соответствующая аминокислота уже активирована. Эти случаи не воспринимаются как ошибка; о них выдается сообщение.

#### Движение комплекса тРНК-аминокислота к рибосоме

При выполнении этого действия на экране появляется сообщение "Укажите код аминокислоты". Затем начинается ввод трехбуквенного кода аминокислоты. Введенная часть кода отображается на экране; имеется возможность удалить последний введенный символ нажатием клавиши 'BS'.

Если введен несуществующий код аминокислоты, то появляется сообщение "Нет такого кода", и ввод повторяется. Если введен су-

шествующий код, то рядом с кодом выводится его полное название.

Далее, если такая аминокислота не активирована, появляется сообщение "Кислота не активирована" и выполнение действия F5 заканчивается.

Если же эта аминокислота активирована, то появляется сообщение: "Приведите аминокислоту на рибосому". После этого стрелки "вправо", "влево", "вверх", "вниз" управляют перемещением по экрану комплекса тРНК-аминокислота до тех пор, пока тРНК не попадет между субъединицами рибосомы. Далее "включается автопилот", тРНК устанавливается в нужную точку, и над ней появляется надпись - антикодон (на время движения эта надпись с экрана исчезает).

Если антикодон не комплементарен текущему триплету иРНК, то комплекс тРНК-аминокислота удаляется из рибосомы, а допустимым действием по-прежнему остается F5.

Если антикодон комплементарен триплету тРНК, то изображается некоторое движение рибосомы, символизирующее ситуацию "все в порядке" (субъединицы расходятся и вновь сближаются), а допустимым действием становится F6 (кроме случая с первым триплетом).

#### Удлинение полипептидной цепи

При выполнении этого этапа биосинтеза ученик должен последовательно выполнить 3 действия:

- разорвать связь со "старой" тРНК;
- передвинуть аминокислоту к растущей полипептидной цепи;
- связать аминокислоту с полипептидной цепью.

Последнее из действий выполняется только при правильном положении аминокислоты. "Старая" тРНК после этого удаляется из рибосомы.

#### Продвижение рибосомы по иРНК

При выполнении этого действия ученик должен изменить положение рибосомы относительно тРНК так, чтобы "новая" тРНК заняла положение "старой". На экране изменение положения соответствует длине одного триплета.

Закончив передвижение, ученик должен ввести признак завершения передвижения. В этот момент происходит контроль положения рибосомы; действие заканчивается только в том случае, когда рибосома заняла правильное положение.

### Завершение биосинтеза

Это действие становится допустимым, когда в рибосоме появляется терминатор. При выполнении этого действия разрывается связь полипептидной цепи со "старой" тРНК, и велок удаляется из рибосомы. Затем тРНК, иРНК и рибосома расходятся в разные стороны.

### 3.3. Контролирующая программа

Контролирующая программа предназначена для проверки знаний, усвоенных при работе с моделирующей программой. Она содержит ряд отличий от моделирующей программы:

1. Все ответы ученика оцениваются.
2. Процесс биосинтеза можно начать лишь с построения иРНК.
3. Почти все этапы биосинтеза выполняются быстрее и не требуют вмешательства ученика (движение иРНК к рибосоме, движение активированной аминокислоты к рибосоме, удлинение п/п цепи, продвижение рибосомы по иРНК).
4. Среди базовых действий имеется действие "Продвижение рибосомы по иРНК на один нуклеотид", и его нужно выполнять 3 раза подряд.

### Система оценок

При работе ученика с контролирующей программой его действия оцениваются. При этом правильные действия оцениваются так:

правильное указание нуклеотида при построении иРНК	- 1 очко
активация нужной аминокислоты	- 5 очков
доставка правильной аминокислоты в рибосому	- 5 очков

Потери при ошибочных действиях:

указание несуществующего нуклеотида	- 1 очко
указание несуществующего кода аминокислоты	- 1 очко
указание кода не активированной аминокислоты	- 3 очко
приведение на рибосому "неправильной" аминокислоты	- 3 очка
запрос подсказки	- 10 очков

Итак, не совершив ни одной ошибки, ученик может набрать 55 очков. В конце работы программы и при принудительном завершении ее можно увидеть число набранных очков и процент этого числа от 55.

#### 4. Особенности реализации и использования

Программы написаны на языке BASIC для школьной ЭВМ "YAMAHA". Все программы, кроме BIOTEACH (программы для учителя), содержат выстройку пересылки, написанную на ассемблере (А.Ю.Огурцов, мех-мат МГУ).

Запуск программы BIOTEACH

```
RUN "BIOTEACH
```

Остальные программы можно запускать 2 способами: 1) при работе с BIOTEACH указать нужный элемент предложенного списка программ; 2) указать имя программы

```
RUN "BIOSYNTD - для демонстрационной программы
RUN "BIOSYNTM - для моделирующей программы
RUN "BIOSYNTK - для контролирующей программы
```

Работа каждой из этих трех программ начинается вопросом: "Нужна пересылка по сети?". При положительном ответе начинается быстрая пересылка. Через 12 секунд программа начинает работать на всех ученических машинах, где выполнялась команда "RUN "COM:"

Программы занимают на диске

```
BIOSYNTD - 19 К
BIOSYNTM - 21 К
BIOSYNTK - 21 К
```

Настоящая инструкция находится в файле BIOSYNT.DOC и занимает 24 К.

Результаты работы учеников собираются в файле BIO.RES.

Демонстрационная программа работает 6 минут. Время работы моделирующей и контролирующей программ зависит от скорости работы ученика, обычно это около 15 минут.



## СОДЕРЖАНИЕ

Введение .....	3
1. Общая характеристика пакета .....	3
2. Схема биосинтеза .....	4
3. Описание программ .....	8
3.1. Демонстрационная программа .....	8
3.2. Моделирующая программа .....	9
3.3. Контролирующая программа .....	14
4. Особенности реализации и использования .....	15

T02268. I7.02.88 г. Уч.-изд.л. I,0. Цена 20 к. Тираж 365 экз.  
Заказ 975Р. Изд. № 29. Отпечатано на ротапринте в Отделе научно-технической информации Научного центра биологических исследований АН СССР в Пушкине с оригинала-макета, представленного Научно-исследовательским вычислительным центром АН СССР