

Лісовська Юлія Петрівна,

кандидат юридичних наук, заступник завідувача кафедри адміністративного, фінансового та банківського права ПрАТ «ВНЗ «Міжрегіональна Академія управління персоналом», вул. Фрометівська, 2, м. Київ, 03039; ivsd@i.ua; <https://orcid.org/0000-0001-9278-4487>

Лісовський Петро Миколайович,

доктор філософських наук, професор кафедри міжнародних відносин та політичного консалтингу Відкритого міжнародного університету розвитку Людини «Україна», вул. Львівська, 23, м. Київ, 03115; syngaipm@i.ua; <https://orcid.org/0000-0002-0022-5483>

Бортник Валентин Анатолійович,

кандидат юридичних наук, доцент, завідувач кафедри адміністративного, фінансового та банківського права ПрАТ «ВНЗ «Міжрегіональна Академія управління персоналом», вул. Фрометівська, 2, м. Київ, 03039; Valentinbortnik1954@gmail.com; <https://orcid.org/0000-0002-1226-6215>

КОНЦЕПЦІЯ СТРЕСОСТІЙКОСТІ ЛЮДИНИ В КІБЕРСУЧАСНОСТІ

Анотація. Статтю присвячено визначенню концептуальних засад інтегративного розвитку та формування стресостійкості особистості; розробці системної концепції стресостійкості особистості. У статті стресостійкість особистості розглядається як системно-інтегративна властивість особистості, яка забезпечує прогнозованість біопсихологічних реакцій на стрес; оптимізацію соціокультурних та організаційно-поведінкових стратегій подолання надскладних і надзвичайних ситуацій; визначення ціннісно-сміслових трансформацій постстресових наслідків. Розроблено системну модель стресостійкості особистості. На основі аналізу філософських поглядів розкривається феномен стресостійкості особистості як комплексної властивості людини, що характеризується взаємодією емоційних, вольових, інтелектуальних і мотиваційних компонентів психічної активності, які в складних емоційних умовах забезпечують її оптимальний функціональний і психоемоційний стан. Установлено основні характеристики, структурні компоненти, функції та чинники стресостійкості особистості. Аргументовано доцільність використання системного підходу до вивчення цього феномена з метою кращого розуміння його сутності.

Розглянуто результати досліджень хромосомної теорії спадковості в координатах еволюційної біології з генетикою.

З'ясовано, що особистість із високим рівнем стійкості до деструктивних факторів впливу здатна ефективно долати психічні, емоційні, вольові й розумові навантаження в непередбачуваних, нестандартних та екстремальних ситуаціях без шкідливих наслідків для свого психофізіологічного здоров'я. Визначено подальші напрями наукового дослідження в контексті розвитку стресостійкості особистості як комплексної властивості людини, що забезпечує її оптимальне функціонування в складних емоційних, екстремальних і бойових умовах діяльності й дає змогу розвивати гармонійну особистість із високим рівнем резилентності й здатну до самовдосконалення, самоконтролю та ефективної саморегуляції.

Ключові слова: стрес, стресостійкість, психічна стійкість, емоційна стійкість, чинники стресостійкості, нейронні сітки, ембріологія, теорія спадковості, кіберсучасність.

Lisovska Yuliia Petrivna,

PhD in Law, Deputy Head of the Department of Administrative, Financial and Banking Law, «Interregional Academy of Personnel Management», 2, Frometivska Str, Kyiv, 03039; ivsd@i.ua; <https://orcid.org/0000-0001-9278-4487>

Lisovskiy Petro Mykolayovych,

Doctor of Philosophy, Professor at the Department of International Relations and Political Consulting, Open International University of Human Development «Ukraine», 23, Lvivska Str., Kyiv, 03115; syngaipm@i.ua; <https://orcid.org/0000-0002-0022-5483>

Bortnyk Valentin Anatoliyovych,

PhD in Law, Associate Professor, Head of the Department of Administrative, Financial and Banking Law, «Interregional Academy of Personnel Management», 2, Frometivska Str, Kyiv, 03039; Valentinbortnik1954@gmail.com; <https://orcid.org/0000-0002-1226-6215>

THE CONCEPT OF HUMAN STRESS RESISTANCE IN THE CYBER PRESENT

Abstract. *The article is devoted to defining the conceptual foundations of integrative development and the formation of stress resistance of the individual; development of a systemic concept of stress resistance of the individual. In the article, the stress resistance of the individual is considered as a system-integrative property of the individual, which ensures the predictability of biopsychological reactions to stress; optimization of socio-cultural and organizational-behavioral strategies for overcoming extremely difficult and emergency situations; determination of value and meaning transformations of post-stress consequences. A systemic model of personality stress resistance has been developed. Based on the analysis of philosophical views, the phenomenon of personality stress resistance is revealed as a complex property of a person, characterized by the interaction of emotional, volitional, intellectual and motivational components of mental activity, which in difficult emotional conditions ensure its optimal functional and psychoemotional state. The main characteristics, structural components, functions and factors of stress resistance of the individual have been established. The expediency of using a systemic approach to the study of this phenomenon in order to better understand its essence is argued.*

The results of research on the chromosomal theory of heredity in the coordinates of evolutionary biology and genetics are considered.

It was found that a person with a high level of resistance to destructive factors of influence is able to effectively overcome mental, emotional, volitional and mental loads in unpredictable, non-standard and extreme situations without harmful consequences for his psychophysiological health. Further directions of scientific research in the context of the development of personality stress resistance as a complex property of a person, which ensures its optimal functioning in complex emotional, extreme and combat conditions of activity and enables the development of a harmonious personality with a high level of resilience and capable of self-improvement, self-control and effective self-regulation, are determined.

Key words: *stress, stress resistance, mental stability, emotional stability, factors of stress resistance, neural networks, embryology, heredity theory, cyber modernity.*

Постановка проблеми. В теперішній час, коли наша держава перебуває в стані війни, проблема стресостійкості особистості постає надзвичайно гостро. Відтак, з'явилась значна кількість нових наукових дисциплін з трендовими назвами: біоінформатика, геноміка, протеоміка, системна біологія та інші. До них варто додати сомнологію. Всі вони діалектично взаємообумовлені між собою як одне органічне ціле. Але, по суті, біоінформатика як і протеоміка – не наука, а сукупність технологій або набір конкретних завдань, які вирішують з їх допомогою. Можна стверджувати, що кожна людина, що визначає концентрацію білків методом мас-спектрометрії або вивчає білок-білкові взаємодії, працює в галузі протеоміки.

Не виключено, що з часом така градація постане не зовсім нагальною потребою, оскільки такі практичні технології поступаються саме методології думати, ставити суцї питання на злобу дня. В цьому сенсі біоінформатика як сама давня із цих наук (їй понад 25 років) відіграє роль цементуючого початку, оскільки вся ця інформація викладається в комп'ютерних системних мережах. Інакше бути не може: розмір бактеріо-

нального геному – мільйони нуклеотидів, вищих тваринних – сотні мільйонів або мільярди. При цьому, транскриптоміка, що вивчає активність геномів, отримує дані про концентрації десятків тисяч матричних РНК, протеоміка – про сотні тисяч пептидів та білків-білкових взаємодій. Адже з такою кількістю інформації неможливо діяти власноруч. Тому, з цією метою використовують спеціальні інструменти. Саме набір таких інструментів і представляє біоінформатика як «менеджер бази даних».

Аналіз останніх досліджень і публікацій. Проблему стресостійкості досліджено як у працях зарубіжних (Н. Ендлера, Л. Китаєва-Смика, Р. Лазаруса, Л. Мелфі, Дж. Паркера Г. Сельє, С. Фолкман), так і сучасних українських (Я. Аміневої, І. Аршави, М. Білової, Г. Дубчак, О. Когут, О. Кокуна, В. Корольчук, К. Кравченко, С. Кравчук, С. Кудінової, А. Лиман, Н. Лозінської, Т. Мазур, О. Макарової, В. Осьодла, І. Пішко, І. Приходька, Л. Прудки, В. Станішевської, В. Стасюка, О. Тімченка, Л. Тютюнник, О. Хміляра, Р. Шевченко, А. Шейко, Ю. Широкобокова, Н. Юр'євої) науковців.

Мета статті полягає у тому, щоб на основі теоретичного аналізу зарубіжних та сучасних українських наукових праць визначити сутність та основні підходи до розуміння феномену **стресостійкості Людини в кіберсучасності**, а також визначити подальші напрями дослідження.

Виклад основного матеріалу. Хромосомна теорія спадковості виникла на початку 20 століття на основі клітинної теорії і її використання для вивчення спадкових властивостей організмів гібридологічного аналізу.

В 1902 р. В. Сеттон в США і Т. Бовері в Німеччині [1], звернули увагу на паралелізм в поведінці хромосом і висунули хромосомну гіпотезу спадковості, згідно з якою спадкові чинники (назва згодом генами) Менделя локалізовані в хромосомах. Перші підтвердження цієї гіпотези були отримані при вивченні генетичного механізму визначення статі у тварин, коли було з'ясовано, що в основі цього механізму лежить розподіл статевих хромосом серед нащадків. Подальше обґрунтування теорії спадковості належить американському генетику Т.Х. Моргану, який зазначив, що передача деяких генів (наприклад, гена, що обумовлює білі очі у самок дрозофіли при схрещуванні з червоноокими самцями) пов'язана з передачею статевої X-хромосоми, тобто що успадковуються ознаки, зчеплені зі статтю (у людини відомо декілька десятків таких ознак, у тому числі деякі спадкові дефекти – дальтонізм, гемофілія і ін.).

Доказ теорії було отримано в 1913 американським генетиком До. Бріджесом, що відкрив нерозходження хромосом в процесі мейозу у самок дрозофіли і що відзначив, що порушення в розподілі статевих хромосом супроводиться змінами в спадкоємстві ознак, зчеплених зі статтю.

З розвитком теорії було встановлено, що гени, розташовані в одній хромосомі, складають одну групу зчеплення і повинні успадковуватися спільно; число груп зчеплення дорівнює числу пар хромосом, постійному для кожного виду організмів, тобто каріотипу; ознаки, залежні від зчеплених генів, також успадковуються спільно. Внаслідок цього закон незалежного комбінування ознак (Закон Менделя) повинен мати обмежене вживання; незалежно повинні успадковуватися ознаки, гени яких розташовані в різних (негомологічних) хромосомах. Явище неповного зчеплення генів (коли поряд з батьківськими поєднаннями ознак в потомстві від схрещувань виявляються нові рекомбінантні їх поєднання) було детально досліджено Морганом і його співробітниками (А.Р. Стертевантом

та ін.) і послугувало обґрунтуванням лінійного розташування генів в хромосомах. Морган передбачив, що зчеплені гени гомологічних хромосом, що знаходяться у батьків в поєднаннях і в мейозі гетерозиготної форми можуть мінятися місцями, внаслідок чого поряд з гаметами АВ і аВ утворюються гамети Ab і aB. Подібні перекомбінації відбуваються завдяки розривам гомологічних хромосом на ділянці між генами і подальшому з'єднанню розірваних кінців в новому поєднанні. Реальність цього процесу, названого перехрещенням хромосом, або кросинговером, була доведена в 1933 йому, ученим К. Штерном в дослідах з дрозофілою й американськими вченими Х. Крейтоном і Б. Мак-Клінток – із кукурудзою. Що далі один від одного розташовані зчеплені гени, тим більше вірогідність кросинговера між ними. Залежність частоти кросинговера від відстаней між зчепленими генами була використана для побудови генетичних карт хромосом. У 30-х рр. ХХ ст. Ф. Добржанський показав, що порядок розміщення генів на генетичних і цитологічних картах хромосом збігається.

Згідно з уявленнями школи Моргана, гени є дискретними і далі неподільними носіями спадкової інформації. Проте відкриття в 1925 радянськими ученими Г.А. Надсоном і Г.С. Філіпповим, а в 1927 американським вченим Р. Меллером впливу рентгенівських променів на виникнення спадкових змін (мутацій) в дрозофіли, а також використання рентгенівських променів для прискорення мутаційного процесу в дрозофіли дозволили радянським ученим А.С. Серебровському, Н.П. Дубініну та ін. сформулювати в 1928–1930 роках уявлення про подільність гена на дрібніші одиниці, розташовані в лінійній послідовності і здатні до мутаційних змін. У 1957 це уявлення було доведено роботою американського ученого С. Бензера з бактеріофагом Т4. Використання рентгенівських променів для стимулювання хромосомних перебудов дозволило Н.П. Дубініну та Б.Н. Сидорову виявити в 1934 ефект положення гена (відкритий в 1925 Стертевантом), тобто залежність прояву гена від місця розташування його на хромосомі. Виникло уявлення про єдність дискретності і безперервності в будові хромосоми [2, с. 103].

Хромосомна теорія спадковості розвивається у напрямі поглиблення знань про універсальних носіїв спадкової інформації – молекули дезоксирибонуклеїнової кислоти (ДНК). Встановлено, що безперервна послідовність пуринових і піримідинових основ уздовж ланцюга. ДНК утворює гени, міжгенні інтервали, знаки початку і кінця

зчитування інформації в межах гена; визначає спадковий характер синтезу специфічних білків клітини і, отже, спадковий характер обміну речовин. ДНК складає матеріальну основу групи зчеплення у бактерій і багатьох вірусів (в деяких вірусів носієм спадкової інформації є рибонуклеїнова кислота); молекули ДНК, що входять до складу мітохондрій, пластид і ін. органел клітини, є матеріальними носіями цитоплазматичної спадковості.

Хромосомна теорія спадковості, пояснюючи закономірності спадковості ознак у тварин і рослинних організмів, грає важливу роль в сільськогосподарській науці та практиці. Вона озброює селекціонерів методами виведення порід тварин і сортів рослин із заданими властивостями. Деякі положення хромосомної теорії спадковості дозволяють раціональніше вести сільськогосподарське виробництво. Так, явище зчепленої зі статтю спадковості ряду ознак в сільськогосподарських тварин використовувалася для винайдення методів штучного регулювання статі в тутового шовкопряда і вибраковувати кокони менш продуктивної статі, до розробки способу розділення курчат по статі дослідженням клоаки – відбраковувати півників та ін. Найбільше значення для підвищення врожайності багатьох сільськогосподарських культур має використання поліплоїдії. На знанні закономірностей хромосомних перебудов ґрунтується вивчення спадкових захворювань людини [1].

Основні положення хромосомної теорії спадковості:

- гени розташовані в хромосомах у лінійному порядку;
 - різні хромосоми мають неоднакові набори генів, тобто кожна з негомологічних хромосом має свій унікальний набір генів;
 - кожен ген займає в хромосомі певну ділянку – локус; алельні гени займають у гомологічних хромосомах однакові ділянки;
 - усі гени однієї хромосоми утворюють групу зчеплення, завдяки чому деякі ознаки успадковуються зчеплено; сила зчеплення між двома генами, розташованими в одній хромосомі, обернено пропорційна відстані між ними;
 - зчеплення між генами однієї групи порушується внаслідок обміну ділянками гомологічних хромосом у профазі першого мейотичного поділу (процес кросинговеру);
 - кожен біологічний вид характеризується певним набором хромосом (каріотипом) – кількістю та особливостями будови окремих хромосом.
- Хромосомна теорія спадковості** – теорія, згідно якої хромосоми, укладені в ядрі клітини,

є носіями генів і є матеріальною основою спадковості, тобто спадковість властивостей організмів у ряді поколінь визначається спадковістю їх хромосом.

Аналіз геномних даних

Згідно із законом Мура, яка свідчить про те, що нуклеотидні алгоритми геномів накопичувались швидше, ніж зростала потужність комп'ютерів. Проте за останні роки біофізика почала перетворюватись в науку, «багатою даними». Умовно кажучи, зокрема в молекулярній біології встановлюється відповідний біологічний факт: амінокислотна послідовність білка, його функція є регулятором відповідного геному. Саме молекулярна біологія рухається шляхом, яким вже пройшли астрофізика і фізика високих енергій. Адже, коли діє радіотелескоп або прискорювач, проблема здобуття відповідних результатів вирішена. Тому на перший план виступають проблеми їх зберігання і обробки.

Крім того, коли дослідник стверджує, що білок А запускає транскрипцію гена В (перепи́с інформації із ДНК в РНК), він безпосередньо не спостерігає, яким чином білок взаємодіє із регулятивною частиною гена, а робить такий висновок, виходячи із розміщення стрічок на геномі та інших експериментальних даних. Тому, біоінформатика має, по суті, таку ж ситуативну модель, тільки піднесення в абсолют: готові дані знаходяться в комп'ютері, а серед них необхідно відшукати пазли із яких можна зібрати картинку [3, с. 82].

Варто вважати, що до сфери технічної біоінформатики відноситься першочергова обробка даних. Секвентор не сам «читає» молекули ДНК, а надає на виході криві (нелінійний характер) флуоресценції, «піки» на яких ще потрібно перетворити в нуклеотидну послідовність. Це завдання вирішується кожного разу по-новому для нового пристрою секвенування, оскільки вирішує її біоінформатика.

В силу вищезначеного постає нагальне питання: як можна із послідовності нуклеотидів робити висновки про функції білків і генів? Адже, якщо білок схожий на який-небудь інший, вже вивчений, то з певною імовірністю можна вважати, що вірусні онкогени – це «зіпсовані» гени самого організму.

При цьому існують банки даних стосовно нуклеотидних і білкових послідовностей. Така картина описувалась іще в кінці 80-х років, і в цьому сенсі біоінформатика була готова до потоку геномних даних. Сьогодні цей стандартний інтернет-сервіс, оскільки навантажуються послідовність відповідної інформації

ції у «віконці», натискується кнопка і через декілька секунд повідомляється, на які саме послідовності (алгоритми) із відповідної бази даних геном схожий. Потім розпочинаються ретельніші міркування. Відомо, що у бактерій гени часто бувають організовані в оперони, тобто транскрибуються у вигляді одної матричної РНК, оскільки існують еволюційні теорії, згідно з якими гени утворюють оперон. Адже генам, продукти яких мають зв'язані функції, є нагода знаходитись поруч через горизонтальний перенос. Це є суттєвий механізм еволюції бактерій: сектори геному однієї бактерії попадає в іншу, яка здатна придбати нові корисні ознаки. Зрозуміло, якщо в новий геном переміститься лише один ген метаболічного шляху, то відповідний білок не буде корисним: субстрат для каталізуючої реакції відсутній, а його продукт є непереробноздатним. Додатковим підтвердженням цієї теорії слугує те, що у бактерій бувають геномні локуси, в яких гени із одного метаболічного шляху знаходяться на різних ланцюжках ДНК і тому транскрибуються в різних напрямках. Тут і відіграє важливу роль підвищена вірогідність сумісного переносу. Адже той факт, що два геноми знаходяться поруч в одному геномі, не свідчить про їх закономірний функціональний зв'язок, бо може бути і випадковість в системі невизначеності. Проте можна ототожнювати гени в різних організмах. Послідовності у них, безперечно, не співпадають до нуклеотиду, а можуть різнитись значним чином. Існують деякі правила, які дозволяють ствердити, що це є один і той же ген, наприклад, у кишковій паличці і у сенної палички. Звідси, якщо пара генів знаходиться поруч не в одному геномі, а у п'ятидесяти, причому у представників різних таксономічних груп (тобто таке розміщення не просто успадковано від загального пращура), то це означає, щоб такі геноми дійсно притягувались (були б синергійними) один до одного. Якби еволюція не підтримувала їх близького розташування, такий механізм само зберігання «сродного» геному незалежно від пращурського коду не відбувся би. Тому саме такі процеси необхідно розглядати не лише в координатах геоцентризму (лише пращурського інформаційного коду), а й і в координатах генокосмізму, оскільки такі міркування, на наш погляд, мають суттєве значення в сучасну епоху інформаційного «буму».

До того ж, не всі бактерії мають однаковий набір генів: наприклад, якщо ген кодує фермент,

необхідний для переробки певного вуглеводу, то його не буде у бактерії, яка цим вуглеводом не харчується. Проте, у бактерії, яка харчується саме цим вуглеводом, відбудеться необхідний набір: і ферменти, і білок-транспортер, що переносить вуглець внутрішньо клітки. Адже функціонально пов'язані гени присутні в геномі за принципом «все або ніщо», оскільки абсурдно мати лише фрагмент метаболічного шляху, тому що бактерії – організми економні (те, що їм не приносить користі, із геному ефективно зникає).

Тому, якщо умовно побудувати таблицю, в якій по горизонталі розташувати різні гени, а по вертикалі – різні геноми, а також позначити плюсами і мінусами гени, що присутні або відсутні в даному геномі, можна побачити відповідну групі генів, що обслуговують одну і ту ж функцію. При цьому, невідомий ген є тим же набором плюсів і мінусів.

Регуляція активності генів

Поруч із геном, зазвичай є присутні локальні місця, в яких взаємодіють відповідні білки, що здатні запускати транскрипцію, блокувати її, управляти її інтенсивністю (інтенціональністю). Від цих причин і залежить регуляція активності генів в Одному Геномі на рівні Клітини у будь-який момент час як рухомий Скарб суцільних живих речей.

У такому розумінні ділянки, що пов'язують фактори транскрипції, варто розпізнавати в геномах із невисокою точністю (ймовірністю), а саме: який «доброякісний» сайт, а який «зловмисний» щодо його інформації.

В науковій практиці зазначається, що бактеріальній клітині необхідні іони цинку, які входять до складу певних ферментів, зокрема кофактори. Відповідно, існує і молекулярна машинерія, яка обслуговує всі процеси, що пов'язані з цинком. Як всім відомо, цинковий регресор, що у великих кількостях є отруйним для клітини, містить трансмембральний білок, який забезпечує проникнення цинку в клітину. Саме в геномі більше сотні генів рибосомів білків, що містять мотив сукупного цинку, а саме: цинкової стрічки, оскільки матрицею існування повної клітини – це «тяжка промисловість», в якій понад 70 % білка клітини – це білок рибосом, тобто органел, що необхідний для вироблення іншого білку. З іншого боку, цинк – це кофактор ферментів, життєво важливих для клітини, зокрема ДНК-полімераза. Іншими словами, із спостережень витікає, щоб цинку було достатньо для життєво важливих ферментів, необхідно жертвувати певною кількістю (їх невеликою долею) рибосомів.

Особливість білків-транспортів: функціональна роль у сновідінні

Транспортери – це сукупна матриця в ембріології як всебічного суспільного явища, оскільки розпізнати саме бактеріальний транспортер – структурне завдання дослідника в цій сфері. У них є декілька гідрофобних спіралей, що проходять через мембрану, між якими знаходиться канал, необхідний для життя клітини у вигляді іону чи молекули. При цьому, трансмембральні сегменти можна віднайти в білковій послідовності за допомогою спеціальних програм.

Такі транспортери бувають різнохарактерні. Одні наповнюють клітину корисними речовинами проти градієнта концентрації і витрачають на це енергію молекули АТФ, яку розщеплює спеціальний білок – АТФаза. Інші – здійснюють вторинне транспортування, «впускаючи» необхідну молекулу, одночасно звільняють (випускають) відносно градієнту концентрації іон водню, калію або натрію. Зазначається, що транспортер АТФ-залежний від ефективності роботи конструкції білка. Саме синтез такого білка регулюється цинковим транспортером, в якому ген знаходиться в одному локусі з генами катаболізму рибози.

У цьому змісті можна розглядати і біотинний транспортер, що вивчає регуляцію шляху біосинтезу біотину (біотин – це вітамін H_7 або B_7 , як кофактор важливих ферментів).

Можна зазначити, що кобаломін або вітамін B_{12} є кофактором важливих ферментів. Структурно вважається, що в центрі молекули кобаломіну є іони кобальту, які забезпечують транспортери, зокрема кобальтові, оскільки саме білок потрібен клітині.

Теорія бактеріальної еволюції в ембріології

Сьогодні таксономія бактерій цілком базується на молекулярних даних. У масовому порядку переглядаються видові назви. Значним досягненням у цій галузі була робота Карла Вьозе, який у 1977 році на основі молекулярної таксономії постулював існування археобактерій як третього доміну життя. З'ясовано, що у двох штамів кишкової палички – представників одного біологічного виду – третя частина генів може бути унікальною, тобто існувати в одному штамі і бути відсутнім в іншому.

Так, наприклад, в силу методу синергії – передачі резонуючої обмінної інформації в координатах генокосмізму та геноцентризму, вважається, що горизонтальний перенос, виходячи із теорії бактеріальної еволюції, є обмін генетичним матеріалом. Такий матеріал може здійснюватись між таксономічно далекими істотами.

Наприклад, *Metanosarcina* – це типова архея, проте третя частина її генів мають бактеріальне походження. Саме ці гени обслуговують його метаболізм, в той час як механізми транскрипції характерні для архей, що мають сьогодні нагальний інтерес.

Адже відмінність людини від шимпанзе або від мишей обумовлено саме набором генів, які у дрібно живлячих практично одні й ті ж, якщо порівнювати за набором функцій. Причина криється в тому, які гени, коли і в яких тканиях активні.

У більшості бактерій («грибків») є один залізний репресор, що реагує на присутність іонів заліза і таким чином регулює множину генів, а саме: білки, що забезпечують запас і транспортування заліза, а також синтез і ферменти.

Таким чином, порівняльний аналіз регуляції активності генів турбує не лише палеонтологів і морфологів, а й фундаментальних філософів. У цьому нічого немає страшного, коли нам сняться покійні рідні та близькі люди. Бо Щастя і Нещастя поруч. Саме сучасний етап розвитку синтетичної теорії еволюції здатний об'яснити переналаштованість регуляції як на простих організмах (біовиду), так і більш складних. Це є стратегічний прорив сомнології як науки про сновідіння у майбутнє на рівні ембріонального природного відбору, а також синтезу як сполучення еволюційної біології з генетикою. Ось чому сні збуваються. Головне при цьому – вміти розшифрувати інформаційно-генетичний код такого сновідіння.

Штучна генерація голосу в стеганографії як латентного факту існування інформації

За умов воєнного часу в Україні лексико-семантичне навантаження щодо визначення поняття «логіка», як уже зазначалося в означеному посібнику, набуває питомої ваги, що розширює свідомість людини. У цьому контексті саме модальна логіка у філософії кіберсучасності відіграє надзвичайну роль як цифровий формат безсмертя.

Адже *модальна логіка* – це розділ сучасної логіки, в якій вивчаються актуальні висловлювання та їхні відношення в структурі думки (міркувань, припущень, гіпотез тощо) як розвиток людського. Залежно від того, які види модальних висловлювань досліджуються, варто виокремлювати такі їх різновиди як: часові та просторові темпорального характеру; пізнавально-епістемічні; аксіологічні на підставі ціннісно-смыслових пріоритетів; деонтологічні як етична мораль; семантична як полісмысловий критерій суцільних речей [4, с. 79].

Багаторічний досвід спеціально-правової практики авторів даного посібнику свідчить про феноменологію мудрості як якість переосмислення життєвих процесів на рівні особи, держави та суспільства. Тому, за умов кіберсучасності, на наш погляд, необхідно озвучити модальну логіку в системі штучного інтелекту, що характеризуються розробкою математичних, а також нейролінгвістичних методів і технічних засобів, які імітують когнітивні функції людського мозку.

Перш ніж з'ясувати причини, які обумовили прискіпливу увагу до штучного інтелекту, слід дізнатися, що таке «інтелект». Отже, на нашу думку, інтелектом варто назвати здатність нейромозку розв'язувати розумово-сміслові завдання шляхом набуття будь-якої інформації від зовнішнього середовища, перевірки її на достовірність і тлумачення як знань, упорядкування, накопичення та цілеспрямованого перетворення у процесі пізнавальної діяльності. Все це ґрунтується завдяки емоційно-чуттєвому світосприйнятті та багаторічному досвіду людини до розмаїтих обставин. З огляду на це, саме нейромозок сучасної постнауки, наділений інтелектом, є універсальним засобом розв'язувати широкого кола задач, для яких відсутні стандартні, задалегідь уже відомі методи розв'язання.

Специфіка алгоритму розв'язання інтелектуальних задач в модальній логіці

Як приклад, це може бути алгоритм розв'язування інтелектуальної задачі на доведення. Ентропійний (невизначений) процес її розв'язання – це результат інтелектуальної діяльності, що зводиться до доведення, тобто до виконання послідовності логічно обґрунтованих операцій або кроків, які починаються з умови (передумов) задачі та закінчуються теоретичним висновком. При цьому, кожний крок призводить до деякого нового положення, отриманого з відповідним часом дібраних окремих умов, відомих фактів (аксіом) або раніше доведених (виведених) положень (лем). Таким чином, щоб розв'язати будь-яку нетривіальну задачу, необхідно скласти ефективно скоординовану, узгоджену схему операцій (логічних, математичних або прикладних).

У загальному розумінні штучний інтелект – це сукупність програмних методів і засобів цілеспрямованої обробки інформації у системі фундаментальних знань відповідно до набутого в процесі навчання та адаптації досвіду при розв'язанні відповідних інтелектуальних задач.

Початком поширення терміну «штучний інтелект» можна датувати кінцем 70-х – початком

80-х років ХХ століття. Зокрема, американські дослідники Н. Ньюел і Х. Саймон побудували загальний алгоритм як модель розв'язування задач. Це той універсальний алгоритм евристичних показників та його результату. Саме еволюція методологічних систем штучного інтелекту є прозорим взірцем діалектичного розвитку. Адаже проблему моделювання мислення пов'язують з формулюванням наслідків із фактів, які спостерігаються або визначаються механізмами логічних обґрунтувань та повною мірою формуються на основі підсвідомого інтуїтивного мислення, природа якого ще недостатньо вивчена і дуже важко формалізується. Також проблема моделювання мислення дедуктивної логіки формалізується її законами на основі смислових конструкцій, які дістали назву силогізмів.

Штучні нейронні сітки як квантове імітування механізму логічного мислення

Нейронна сітка є сукупністю нейронів і зв'язків між ними. Кожний нейрон виконує відносно просту функцію, будучи дифузійно об'єднано неймовірно численними зв'язками в єдину системну структуру, здатну розв'язувати складні задачі.

При цьому, варто вирізняти два типи нейроподібних сіток. У сітках першого типу вузлами є формальні елементи, що описують окремі нейрони. В сітках другого типу вузлами є формальні елементи, що відповідають не окремим нейронам, а особливим їм сукупностям – нейронним ансамблям. Нейронні ансамблі варто усвідомлювати таку сукупну квантову взаємообумовленість нейронів, як квантово збуджується повністю при збудженні окремої її квантової частинки. Іншими словами, нейронний ансамбль можна описати як нелінійний перетворювач аналогової інформації, що задається набором певних статистичних і динамічних характеристик у семантичному вимірі логічного мислення.

За таких обставин однією з найважливіших особливостей нейронної сітки є її квантова як корпускулярно-хвильова здатність до кодифіковано-пізнавального процесу, що є його кореляційним коефіцієнтом евристичного матеріалу (сущих речей). Адаже у галузі моделювання нейронних сіток необхідно зазначити комбінаторні, оптимізаційні та інші задачі дискретних процесів.

У цьому змісті характерною особливістю нейронних сіток є її семантичність. Це, коли фундаментальні знання, що охоплюють однакові сутності та поняття у вигляді відношень між різними вузлами. Іншими словами, це елемент довільності в системі креативно-евристичного потенціалу Людини. Також варто у цьому від-

ношенні озвучити *логіку предикатів*. Така логіка визначається належним рівнем модульності знань. Це специфічне (оригінальне, ексклюзивне, автентичне) збереження генеративної цілісності субстанції суцільних речей як енергетичної першооснови квантової свідомості, що поширюється у будь-яких формах матерії.

Висновки. Стресостійкість має багатокомпонентну структуру, зумовлену як особистісними характеристиками, так і специфікою навколишнього середовища. Подальшим напрямом наших досліджень вбачаємо дослідження стресостійкості в воєнних умовах.

СПИСОК ВИКОРИСТАНИХ ДЖЕРЕЛ:

1. Хромосомна теорія спадковості URL: https://uk.wikipedia.org/wiki/Хромосомна_теорія_спадковості#:~:text=Хромосомна%20теорія%20спадковості%20—%20теорія%2C%20згідно,покоління%20визначається%20спадковістю%20їх%20хромосом
2. Лісовський П. М., Лісовська Ю. П., Твердохліб Н. Г. Воєнно-медична ембріологія: стресостійкість сучасної Людини в Україні : навч. посібник. К. : Видавництво Ліра-К, 2023. 170 с.
3. Лісовський П. М., Лісовська Ю. П. Нейрофармакологія: людиноцентризм війни та людинокозмизм миру: навчальний посібник. К. : Видавничий дім «Кондор», 2024. 108 с.
4. Лісовський П. М., Лісовська Ю. П. Воєнно-промислова логіка: інтелект, сенсорика, комбінаторика: навч. посібник. К. : Видавництво Ліра-К, 2023. 192 с.

REFERENCES:

1. Khromosomna teoriya spadkovosti [Chromosomal theory of heredity]. Retrieved from: https://uk.wikipedia.org/wiki/Хромосомна_теорія_спадковості#:~:text=Хромосомна%20теорія%20спадковості%20—%20теорія%2C%20згідно,покоління%20визначається%20спадковістю%20їх%20хромосом
2. Lisovsky, P. M., Lisovska, Yu. P., Tverdokhlib, N. G. (2023). *Voyenno-medychna embriolohiya: stresostiykist' suchasnoyi Lyudyny v Ukrayini: navch. posibnyk* [Military-medical embryology: stress resistance of modern man in Ukraine: training. Manual]. K. : Lira-K Publishing House. [in Ukrainian].
3. Lisovsky, P. M., Lisovska, Yu. P. (2024). *Neyrofarmakolohiya: lyudynotsentryzm viyny ta lyudynokozmizm myru: navchal nyy posibnyk* [Neuropharmacology: anthropocentrism of war and anthropocosmism of peace: a study guide]. K.: Kondor Publishing House. [in Ukrainian].
4. Lisovsky, P. M., Lisovska, Yu. P. (2023). *Voyenno-promyslova lohika: intelekt, sensoryka, kombinatoryka: navch. posibnyk*. Military-industrial logic: intelligence, sensors, combinatorics: education. manual. K. : Lira-K Publishing House. [in Ukrainian].