

# МОНОГРАФИЯ БАЗОВЫЙ ПРОЕКТ KLT-RBD

## Том VII. KLT-RBD BIO/DNA

Белковые и ДНК-реперы, gene-transcript-protein morphisms,  
Evidence-D, coordinate discipline и биологическая RBD

Автор идей, конструкций, терминов, программной линии и реперной  
базы данных: Курпишев Иван Борисович / Ivan Borisovich Kurpishev,  
Independent Researcher, Kaliningrad.

Редакционная точка: mbp178. Статус:  
volume7\_bio\_dna\_evidence\_d\_without\_truth\_status.

### Короткая формула тома

BIO/DNA source -> sequence/variant -> Rep\_bio/dna -> morphism -> Evidence-D -> status  
truth\_status\_promoted\_count = 0

### Правило статуса

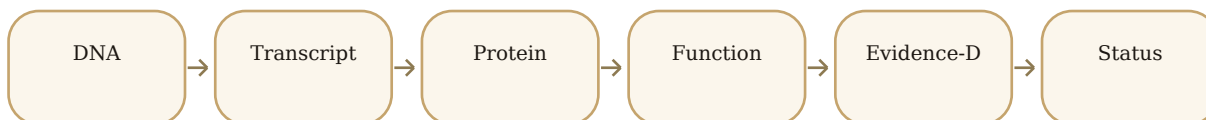
Том является частью расширенной монографии и фиксирует рабочие определения, примеры, теоремы-под-условиями и доказательные маршруты. Он не повышает truth-status и publication\_verified\_status без закрытия D/Dom, proof-ledger, Evidence-D, matched-null/blind, morphism/Fano и внешней воспроизводимости.

# Оглавление рабочей редакции

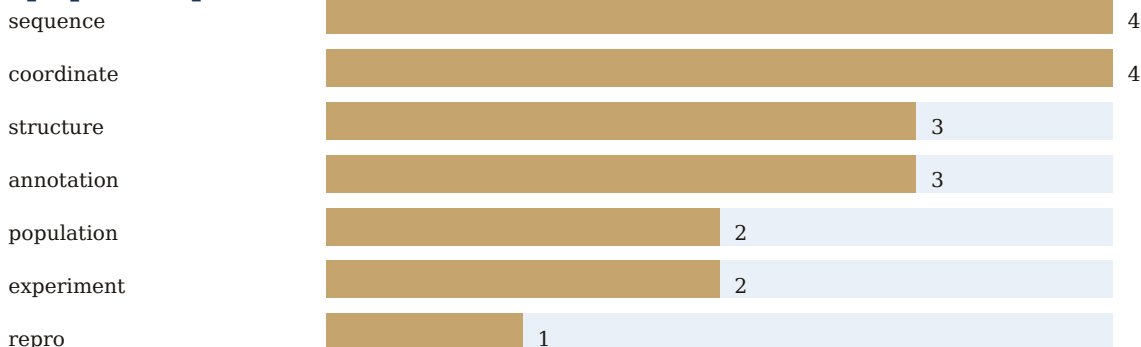
1. Назначение Тома VII
2. Белковый объект как Reper
3. ДНК-объект как Reper
4. Gene -> transcript -> protein morphism
5. Evidence-D для BIO/DNA
6. Пример: белковый домен
7. Пример: ДНК-вариант
8. Биологические null-модели и blind-проверки
9. RBD BIO/DNA как активная база
10. Теоремы Тома VII
11. План расширения Тома VII
12. Расширенный протокол биологических источников
13. Белковые семейства и Dom
14. Структурные модели и confidence
15. Функциональные аннотации и их риск
16. ДНК-координаты и сборки генома
17. Вариантный эффект и protein consequence
18. Population layer и статистическая осторожность
19. Multi-omics и запрет межслойной инфляции
20. Биологические схемы для внешнего читателя
21. BIO/DNA и KLT-RBD5.10
22. Этика и осторожность медицинских интерпретаций
23. Итоговая программа Тома VII
24. Дополнительный раздел: генные семейства
25. Дополнительный раздел: транскриптные изоформы
26. Дополнительный раздел: protein domains
27. Дополнительный раздел: структурные комплексы
28. Дополнительный раздел: варианты и фенотип
29. Дополнительный раздел: регуляторные элементы
30. Дополнительный раздел: multi-omics bridges
31. Дополнительный раздел: учебные BIO/DNA кейсы

# Схема тома

## Схема 1. Gene -> transcript -> protein route



## График 1. Зрелость каналов BIO/DNA



## 1. Назначение Тома VII

Том VII переносит KLT-RBD в биологию и ДНК. Здесь особенно легко соблазниться красивой аналогией: последовательности похожи, структуры напоминают друг друга, графы взаимодействий дают симметрии, мутации укладываются в паттерны. Но биология без источника, координат, организма, `taxon_id`, `sequence hash`, `genome build` и проверки морфизма быстро превращается в поэзию баз данных. Том VII вводит именно защиту от такой поэзии.

Цель тома - создать понятный и строгий слой для белков, генов, транскриптов, вариантов, структур и функциональных связей. Авторская новизна Курпишева И.Б. здесь не в изобретении UniProt, PDB, Ensembl или NCBI, а в переводе биологических объектов в реперно-доказательный граф KLT-RBD, где каждая связь получает D, Dom, source и status gates.

Volume VII = BIO/DNA source-bound objects  
+ protein/DNA Evidence-D  
+ gene-transcript-protein morphism  
!= biological truth-status

## 2. Белковый объект как Reper

Белковый объект в KLT-RBD фиксируется как `sequence@state`: последовательность, изоформа, организм, источник, функциональная аннотация и, при наличии, структура. Белковая последовательность без `organism/taxon_id` и `accession` уже неполна; структура без `chain`, `method`, `resolution` или `model status` не может автоматически служить основанием для функционального вывода.

Компонента R задаёт установленную последовательность или структурный объект. I задаёт функциональный или структурный инвариант: domain, motif, active site, fold, interaction class. U задаёт поле допустимых вариантов: homologs, isoforms, orthologs, paralogs, conformations. D задаёт источник и проверочный протокол: database accession, sequence hash, structure id, publication, experimental method, version.

```
ProteinRep(o) = (R_seq/struct, I_func/fold, U_family; D_source)
D_source = accession + taxon_id + sequence_hash + method + version
```

### 3. ДНК-объект как Reper

ДНК-объект требует ещё более жёсткой координатной дисциплины. Вариант без genome build похож на адрес без города и страны. Одно и то же положение может иметь другой смысл при другой сборке, другом transcript set, другой reference sequence или другой convention. Поэтому ДНК-карточка KLT-RBD обязана хранить accession, genome build, coordinates, strand, allele, source, organism, taxon\_id и sequence hash.

R фиксирует вариант, участок или последовательность. I задаёт биологический смысл: gene, regulatory region, exon, intron, motif, variant class. U задаёт поле возможных интерпретаций: transcripts, isoforms, effects, populations, homologous regions. D задаёт источник, координатную систему, build, evidence, literature, database version и метод вызова варианта.

```
DNAREp(o) = (R_variant, I_gene/regulatory, U_effects; D_coord)
D_coord = genome_build + accession + coordinates + strand + source + version
```

### 4. Gene -> transcript -> protein morphism

Главный мост биологического тома - gene -> transcript -> protein. Без него белковый сигнал не повышает ДНК-статус, а ДНК-сигнал не доказывает белковую функцию. Морфизм должен сохранять source, organism, taxon\_id, coordinate convention, transcript id, sequence hash, evidence gates и status boundaries.

Это правило защищает проект от типичной биоинформационной ошибки: найти интересную белковую структуру и объявить её доказательством генетического варианта, не показав транскрипт, изоформу, координатную сборку и mapping. В KLT-RBD такая связь становится review-route, но не proof.

```
M_gtpp: Gene -> Transcript -> Protein
preserves: source, taxon_id, build, transcript_id, sequence_hash, D, Dom, status
otherwise: morphism_blocker
```

| Переход               | Что сохраняется                    | Что запрещено                             |
|-----------------------|------------------------------------|-------------------------------------------|
| gene -> transcript    | build, coordinates, transcript set | перенос варианта без transcript mapping   |
| transcript -> protein | coding sequence, frame, isoform    | перенос статуса без isoform               |
| protein -> function   | evidence, structure, experiment    | функциональный вывод по сходству          |
| protein -> DNA        | обратная связь через mapping       | автоматическое доказательство ДНК-статуса |

### 5. Evidence-D для BIO/DNA

Evidence-D в биологии должен быть многоканальным. Sequence evidence проверяет первичную последовательность и hash. Structure evidence проверяет PDB/model,

method, chain, confidence. Annotation evidence проверяет functional annotation, domain, motif. Coordinate evidence проверяет build, region, transcript. Population evidence проверяет частоты и cohort. Experimental evidence проверяет публикации, протоколы и воспроизводимость.

Ни один канал не должен притворяться всеми остальными. Хорошая структура не равна популяционной проверке. Частота варианта не равна функции. Аннотация базы не равна доказательству механизма. Том VII переводит это в простое правило: каждый biological claim должен иметь свой Evidence-D route.

```
Evidence-D_bio = {sequence, structure, annotation, coordinate, population, experiment, reproduction}
Gamma_bio = D/Dom x Evidence-D x Null/Blind x Morphism x Repro
```

## 6. Пример: белковый домен

Пусть в белке найден домен, похожий на известный функциональный участок. KLT-RBD строит карточку: R - найденный сегмент; I - предполагаемый domain/motif; U - семейство гомологичных белков; D - accession, sequence hash, alignment, источники аннотации, structure evidence. Если есть только similarity score, вывод остаётся review\_seed.

Для повышения статуса нужны domain-specific thresholds, null family, comparison class, blind validation и external reproduction. Иначе проект рискует принять популярную биоинформационную ловушку: похожее не всегда функционально одинаковое. Да, биология опять отказалась быть простой таблицей. Как неожиданно.

```
Protein domain route:
segment -> alignment -> Rep_protein -> null family -> status
similarity-only => review_seed
```

## 7. Пример: ДНК-вариант

ДНК-вариант должен быть зафиксирован в координатах. Например, одна запись может описывать substitution в гене, но без reference build невозможно понять, где именно он расположен и какой транскрипт затрагивает. KLT-RBD создаёт blocker: coordinate\_missing или build\_missing. Если build есть, но transcript mapping отсутствует, возникает morphism\_missing.

Даже если вариант лежит рядом с известным функциональным участком, это не proof. Нужно показать gene -> transcript -> protein route, effect prediction, literature/source and, по возможности, experimental validation. Том VII делает из этой процедуры стандарт, чтобы биологическая часть монографии не стала каталогом осторожно раскрашенных предположений.

```
DNA variant route:
variant + build + coordinates + transcript + source
-> Rep_DNA -> morphism to protein -> Evidence-D
missing build => blocker
```

## 8. Биологические null-модели и blind-проверки

Для BIO/DNA особенно опасно искать паттерны после просмотра результата. Поэтому null-family должна быть prelocked: matched proteins, randomized sequences with preserved composition, matched genomic regions, family-controlled homolog sets, population-matched variant sets. Blind-канал должен скрывать target label до проверки.

Если BIO/DNA ветка будет работать с крупными корпусами, она должна строго фиксировать предобработку: фильтры длины, качество аннотации, тип sequence, organism, taxon\_id, genome build, version. Без этого любой красивый lambda-кластер легко окажется следствием bias в базе данных.

Bio/DNA nulls:  
matched family null; composition-preserved sequence null;  
coordinate-region null; population-matched variant null;  
label-hidden blind validation

## 9. RBD BIO/DNA как активная база

Биологическая RBD хранит не только записи о белках и ДНК, но и маршруты. Каждая запись должна знать, как она попала в базу, какие версии источников использованы, какой hash получен, какие морфизмы построены, какие blockers остались. Это превращает базу из справочника в proof/prediction machine.

В финальной версии Том VII должен включить каталоги источников, шаблоны карточек, примеры импорта, схемы mapping, таблицы blockers и RBD-графы. v178 фиксирует математику и доказательную дисциплину для будущего расширения.

## 10. Теоремы Тома VII

Том VII вводит три базовых теоремы границ. Первая: protein signal cannot promote DNA status without admissible gene-transcript-protein morphism. Вторая: DNA coordinate claim without build is blocker. Третья: biological similarity is not functional proof. Эти утверждения кажутся банальными, но без них BIO/DNA-ветка быстро станет фабрикой ложных переносов.

Авторская новизна Курпишева И.Б. здесь состоит в том, что все эти границы включаются в общий язык Reper, D/Dom, Evidence-D и RBD/RPD, а не остаются разрозненными методическими предосторожностями биоинформатики.

## 11. План расширения Тома VII

Дальнейшие редакции должны раскрыть: белковые семейства, мотивы, structural alignment, enzyme classes, gene regulation, variants, genome builds, transcript mapping, population layers, disease annotations, phylogenetic routes and multi-omics bridges. Каждый раздел должен иметь примеры, контрпримеры, proof/status ledger and source-bound bibliography.

Особый раздел будет посвящён ДНК как предельному случаю текста природы. Но текст природы в KLT-RBD не читается мистически. Он читается через источник, координату, состояние, морфизм и достаточное основание. Поэтика хороша для предисловия, но статус повышают gates, как назло.

## 12. Расширенный протокол биологических источников

Биологический источник должен быть версионирован. Для белков это accession, database release, organism, taxon\_id, sequence version, isoform, structure id, experimental method or model status. Для ДНК это reference genome, coordinates, strand, allele, transcript set, variant source, assembly version and annotation release. Без

этих полей база может хранить строку, но не имеет права строить строгий Evidence-D вывод.

В BIO/DNA особенно важен вопрос: одна ли это сущность? Один и тот же gene symbol может скрывать разные transcript variants; одна protein name может обозначать семейство, а не конкретный продукт; один variant label может зависеть от reference sequence. Поэтому KLT-RBD должен предпочитать устойчивые идентификаторы human-readable названиям. Название удобно человеку, но доказательство любит accession.

```
BioSourceCard = (database, release, accession, organism, taxon_id, version, method, license_note)
```

## 13. Белковые семейства и Dom

Белковое семейство является естественным Dom для сравнения, но оно не возникает автоматически. Нужно указать критерий: sequence identity, domain architecture, functional annotation, structural fold, phylogenetic relation. Разные критерии дают разные семейства, и перенос статуса между ними требует morphism.

Например, белки с похожим доменом могут иметь разный cellular context, разные партнеры, разные post-translational modifications. В KLT-RBD это не мелкая оговорка, а Dom-condition. Если она не указана, возникает family\_domain\_blocker.

```
ProteinFamilyDom = (criterion, threshold, source, alignment_method, taxon_scope)
```

## 14. Структурные модели и confidence

Структурный слой должен различать экспериментальную структуру, вычислительную модель и доменную предсказательную аннотацию. Для каждой нужны method, resolution/confidence, chain mapping, coverage and source. Структура, построенная для одного фрагмента, не доказывает состояние всего белка.

Если модель имеет высокий confidence локально, но низкий на интерфейсе, KLT-RBD не должен делать общий functional proof. Он фиксирует partial structure evidence. Это снова тот случай, когда честный blocker полезнее красивой картинки молекулы.

```
StructEvidence = (pdb_or_model_id, method, confidence, chain, coverage, mapping, source)
```

## 15. Функциональные аннотации и их риск

Функциональная аннотация может быть экспериментальной, вычислительной, перенесённой по гомологии или кураторской. В KLT-RBD эти типы не равны. Experimental evidence имеет один статус, inferred annotation - другой, automated annotation - третий. Смешение этих типов создаёт annotation\_status\_blocker.

Том VII должен научить читателя простой вещи: если база пишет “predicted”, это не “proved”. Если аннотация перенесена по сходству, нужно указать, откуда и по какому правилу. Если функция доказана в другом организме, нужен organism/taxon morphism and context gate.

```
AnnotationEvidence = (type, source, method, confidence, transfer_rule, organism_context)
```

## 16. ДНК-координаты и сборки генома

Genome build - это не техническая мелочь. Это карта, на которой координата получает смысл. Без карты координата превращается в число. Поэтому KLT-RBD

должен запрещать строгий статус для variant card without build. Если источник даёт legacy coordinates, база должна хранить conversion route или blocker.

Координатная дисциплина включает reference sequence, chromosome/contig, position, allele, strand, coordinate convention, transcript mapping, gene model version. В финальной версии Том VII должен включить примеры неправильных переносов между сборками, чтобы рецензент увидел: метод понимает биологическую реальность, а не просто перекладывает слова.

```
CoordEvidence = (build, contig, position, allele, strand, transcript_set, source_version)
```

## 17. Вариантный эффект и protein consequence

Вариант ДНК может быть synonymous, missense, nonsense, splice, regulatory, structural or uncertain. Его effect prediction зависит от transcript, coding frame, annotation release and evidence. KLT-RBD должен хранить не только variant, но и route to consequence.

Если вариант расположен в gene region, это не означает функциональный эффект. Если он меняет аминокислоту, это не означает pathogenicity. Если он редок в популяции, это не означает причинность. Все эти переходы нуждаются в Evidence-D, иначе становятся review\_seed.

```
VariantEffectRoute = variant -> transcript -> codon/frame -> protein_change -> function/evidence
```

## 18. Population layer и статистическая осторожность

Популяционные частоты требуют cohort, ancestry, sampling, coverage, quality filters and consent/ethics notes where applicable. Частота без контекста малоинформативна. В KLT-RBD population evidence не должен повышать biological truth-status без relation to phenotype, function or mechanism.

Нулевые модели в популяционной генетике должны быть matched: по длине региона, mutation rate, gene density, ancestry, sequencing platform, coverage. Если matched-null отсутствует, красивый enrichment остаётся suspicious pattern, а не доказательство.

```
PopulationEvidence = (cohort, ancestry, frequency, coverage, filters, matched_null)
```

## 19. Multi-omics и запрет межслойной инфляции

Будущая BIO/DNA ветка неизбежно захочет включить RNA, epigenetics, proteomics, metabolomics. Том VII заранее фиксирует: multi-omics integration требует morphism map. Экспрессия гена не доказывает активность белка; methylation signal не доказывает phenotype; metabolite correlation не доказывает causal chain.

KLT-RBD может быть полезен именно потому, что не смешивает эти слои. Он строит карту: где есть связь, где корреляция, где known mechanism, где blocker. Так multi-omics превращается из разноцветного отчёта в доказательный граф.

```
OmicsMorph = (layer_X, layer_Y, source, unit, normalization, D, Dom, status)
```

## 20. Биологические схемы для внешнего читателя

Для внешнего читателя Том VII должен объяснять биологию без перегруза. Белок - не просто слово, а последовательность и состояние. Ген - не просто участок, а координатный объект внутри сборки. Транскрипт - мост между ДНК и белком. Вариант - изменение относительно reference. Функция - утверждение, требующее evidence.

Такая педагогика нужна не меньше формул. Без неё монография будет понятна только своим собственным аббревиатурам, а это, как показала история больших проектов, надёжный способ писать в пустоту.

## 21. BIO/DNA и KLT-RBD5.10

Программная версия должна поддерживать import jobs: protein sequence import, structure import, DNA variant import, transcript mapping import, evidence normalization, hash generation, status report and blocker list. Пользователь должен видеть не только результат, но и почему статус не повышен.

Отчёт KLT-RBD5.10 для BIO/DNA должен быть пригоден биологу и программисту: таблица источников, карта morphisms, список missing fields, блок confidence, summary of gates. И да, интерфейс, который умеет говорить “нельзя”, полезнее интерфейса, который нарисовал всё зелёным ради человеческого спокойствия.

KLT-BIO-DNA commands: import\_seq, hash\_seq, map\_tx, build\_rep, run\_null, report\_blockers

## 22. Этика и осторожность медицинских интерпретаций

Если BIO/DNA-ветка касается медицинских данных, Том VII обязан отделять исследовательскую структуру от медицинского заключения. KLT-RBD может фиксировать gaps, evidence routes and blockers, но не должен подменять врача, лабораторную диагностику, этический протокол или регуляторные требования.

Поэтому любые disease/variant claims в будущей версии должны иметь специальный status: research-only, clinical-review-needed, or externally-validated. Это защита проекта и пользователя. Иногда осторожность - единственное, что отделяет математику от вредной самоуверенности.

## 23. Итоговая программа Тома VII

Финальный Том VII должен стать подробным мостом между KLT-RBD и современной биоинформатикой. Его структура: понятное введение, источники, protein Reper, DNA Reper, morphism map, Evidence-D, examples, counterexamples, null/blind protocols, RBD schema, software commands, ethical boundaries and bibliography.

Главная мысль: биология и ДНК дают богатейший материал для предсказательного метода, но только при строгой версииности и морфизмах. Без них BIO/DNA превращается в красивый шум. С ними - в дисциплинированный proof/prediction graph.

## 24. Дополнительный раздел: генные семейства

Раздел "генные семейства" расширяет Том VII как биологический proof/prediction atlas. Здесь важно удерживать различие между названием объекта и его доказательной карточкой. Gene symbol, protein name или variant label удобны человеку, но KLT-RBD требует accession, version, coordinates, source and morphism gates. Биология, увы, не обязана быть удобной для таблицы.

Для темы "генные семейства" вводится маршрут: source object -> biological state -> Rep\_bio/dna -> morphism map -> Evidence-D -> status. Если отсутствует build, transcript, taxon\_id, sequence hash или method, статус не повышается. Это не бюрократия ради бюрократии, а защита от ложных переносов между геном, белком, функцией и фенотипом.

В полной редакции этот раздел должен получить минимум три примера: корректный source-bound route, неполный route с blocker и контрпример межслойной инфляции. Такая структура позволит читателю увидеть, что KLT-RBD не мистифицирует биологию, а строит проверяемую карту связей.

BIO\_DNA::генные семейства -> source -> morphism -> Evidence-D -> status

## 25. Дополнительный раздел: транскриптные изоформы

Раздел "транскриптные изоформы" расширяет Том VII как биологический proof/prediction atlas. Здесь важно удерживать различие между названием объекта и его доказательной карточкой. Gene symbol, protein name или variant label удобны человеку, но KLT-RBD требует accession, version, coordinates, source and morphism gates. Биология, увы, не обязана быть удобной для таблицы.

Для темы "транскриптные изоформы" вводится маршрут: source object -> biological state -> Rep\_bio/dna -> morphism map -> Evidence-D -> status. Если отсутствует build, transcript, taxon\_id, sequence hash или method, статус не повышается. Это не бюрократия ради бюрократии, а защита от ложных переносов между геном, белком, функцией и фенотипом.

В полной редакции этот раздел должен получить минимум три примера: корректный source-bound route, неполный route с blocker и контрпример межслойной инфляции. Такая структура позволит читателю увидеть, что KLT-RBD не мистифицирует биологию, а строит проверяемую карту связей.

BIO\_DNA::транскриптные изоформы -> source -> morphism -> Evidence-D -> status

## 26. Дополнительный раздел: protein domains

Раздел "protein domains" расширяет Том VII как биологический proof/prediction atlas. Здесь важно удерживать различие между названием объекта и его доказательной карточкой. Gene symbol, protein name или variant label удобны человеку, но KLT-RBD требует accession, version, coordinates, source and morphism gates. Биология, увы, не обязана быть удобной для таблицы.

Для темы "protein domains" вводится маршрут: source object -> biological state -> Rep\_bio/dna -> morphism map -> Evidence-D -> status. Если отсутствует build, transcript, taxon\_id, sequence hash или method, статус не повышается. Это не бюрократия ради бюрократии, а защита от ложных переносов между геном, белком,

функцией и фенотипом.

В полной редакции этот раздел должен получить минимум три примера: корректный source-bound route, неполный route с blocker и контрпример межслойной инфляции. Такая структура позволит читателю увидеть, что KLT-RBD не мистифицирует биологию, а строит проверяемую карту связей.

```
BIO_DNA::protein domains -> source -> morphism -> Evidence-D -> status
```

## 27. Дополнительный раздел: структурные комплексы

Раздел "структурные комплексы" расширяет Том VII как биологический proof/prediction atlas. Здесь важно удерживать различие между названием объекта и его доказательной карточкой. Gene symbol, protein name или variant label удобны человеку, но KLT-RBD требует accession, version, coordinates, source and morphism gates. Биология, увы, не обязана быть удобной для таблицы.

Для темы "структурные комплексы" вводится маршрут: source object -> biological state -> Rep\_bio/dna -> morphism map -> Evidence-D -> status. Если отсутствует build, transcript, taxon\_id, sequence hash или method, статус не повышается. Это не бюрократия ради бюрократии, а защита от ложных переносов между геном, белком, функцией и фенотипом.

В полной редакции этот раздел должен получить минимум три примера: корректный source-bound route, неполный route с blocker и контрпример межслойной инфляции. Такая структура позволит читателю увидеть, что KLT-RBD не мистифицирует биологию, а строит проверяемую карту связей.

```
BIO_DNA::структурные комплексы -> source -> morphism -> Evidence-D -> status
```

## 28. Дополнительный раздел: варианты и фенотип

Раздел "варианты и фенотип" расширяет Том VII как биологический proof/prediction atlas. Здесь важно удерживать различие между названием объекта и его доказательной карточкой. Gene symbol, protein name или variant label удобны человеку, но KLT-RBD требует accession, version, coordinates, source and morphism gates. Биология, увы, не обязана быть удобной для таблицы.

Для темы "варианты и фенотип" вводится маршрут: source object -> biological state -> Rep\_bio/dna -> morphism map -> Evidence-D -> status. Если отсутствует build, transcript, taxon\_id, sequence hash или method, статус не повышается. Это не бюрократия ради бюрократии, а защита от ложных переносов между геном, белком, функцией и фенотипом.

В полной редакции этот раздел должен получить минимум три примера: корректный source-bound route, неполный route с blocker и контрпример межслойной инфляции. Такая структура позволит читателю увидеть, что KLT-RBD не мистифицирует биологию, а строит проверяемую карту связей.

```
BIO_DNA::варианты и фенотип -> source -> morphism -> Evidence-D -> status
```

## 29. Дополнительный раздел: регуляторные элементы

Раздел "регуляторные элементы" расширяет Том VII как биологический proof/prediction atlas. Здесь важно удерживать различие между названием объекта и его доказательной карточкой. Gene symbol, protein name или variant label удобны человеку, но KLT-RBD требует accession, version, coordinates, source and morphism gates. Биология, увы, не обязана быть удобной для таблицы.

Для темы "регуляторные элементы" вводится маршрут: source object -> biological state -> Rep\_bio/dna -> morphism map -> Evidence-D -> status. Если отсутствует build, transcript, taxon\_id, sequence hash или method, статус не повышается. Это не бюрократия ради бюрократии, а защита от ложных переносов между геном, белком, функцией и фенотипом.

В полной редакции этот раздел должен получить минимум три примера: корректный source-bound route, неполный route с blocker и контрпример межслойной инфляции. Такая структура позволит читателю увидеть, что KLT-RBD не мистифицирует биологию, а строит проверяемую карту связей.

```
BIO_DNA::регуляторные элементы -> source -> morphism -> Evidence-D -> status
```

## 30. Дополнительный раздел: multi-omics bridges

Раздел "multi-omics bridges" расширяет Том VII как биологический proof/prediction atlas. Здесь важно удерживать различие между названием объекта и его доказательной карточкой. Gene symbol, protein name или variant label удобны человеку, но KLT-RBD требует accession, version, coordinates, source and morphism gates. Биология, увы, не обязана быть удобной для таблицы.

Для темы "multi-omics bridges" вводится маршрут: source object -> biological state -> Rep\_bio/dna -> morphism map -> Evidence-D -> status. Если отсутствует build, transcript, taxon\_id, sequence hash или method, статус не повышается. Это не бюрократия ради бюрократии, а защита от ложных переносов между геном, белком, функцией и фенотипом.

В полной редакции этот раздел должен получить минимум три примера: корректный source-bound route, неполный route с blocker и контрпример межслойной инфляции. Такая структура позволит читателю увидеть, что KLT-RBD не мистифицирует биологию, а строит проверяемую карту связей.

```
BIO_DNA::multi-omics bridges -> source -> morphism -> Evidence-D -> status
```

## 31. Дополнительный раздел: учебные BIO/DNA кейсы

Раздел "учебные BIO/DNA кейсы" расширяет Том VII как биологический proof/prediction atlas. Здесь важно удерживать различие между названием объекта и его доказательной карточкой. Gene symbol, protein name или variant label удобны человеку, но KLT-RBD требует accession, version, coordinates, source and morphism gates. Биология, увы, не обязана быть удобной для таблицы.

Для темы "учебные BIO/DNA кейсы" вводится маршрут: source object -> biological state -> Rep\_bio/dna -> morphism map -> Evidence-D -> status. Если отсутствует build, transcript, taxon\_id, sequence hash или method, статус не повышается. Это не бюрократия ради бюрократии, а защита от ложных переносов между геном, белком, функцией и фенотипом.

В полной редакции этот раздел должен получить минимум три примера: корректный source-bound route, неполный route с blocker и контрпример межслойной инфляции. Такая структура позволит читателю увидеть, что KLT-RBD не мистифицирует биологию, а строит проверяемую карту связей.

BIO\_DNA::учебные BIO/DNA кейсы -> source -> morphism -> Evidence-D -> status

## Словарь тома

| Термин                           | Пояснение                                                                                 |
|----------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------|
| ProteinRep                       | Рефер-карточка белковой последовательности, домена, структуры или функции.                |
| DNARep                           | Рефер-карточка варианта, региона, гена или последовательности с координатной дисциплиной. |
| Genome build                     | Версия reference genome, без которой координата не авторизуется.                          |
| Sequence hash                    | Контрольная подпись последовательности для воспроизводимости.                             |
| Gene-transcript-protein morphism | Допустимый мост между ДНК, транскриптом и белком.                                         |
| Similarity blocker               | Запрет делать функциональный вывод только по сходству.                                    |

## Реестр теорем, лемм и blockers

| Код        | Утверждение                                                                 | Статус        |
|------------|-----------------------------------------------------------------------------|---------------|
| T178-001   | Protein signal не повышает DNA status без gene-transcript-protein morphism. | stop_boundary |
| T178-002   | DNA coordinate claim без genome build является blocker.                     | formal_rule   |
| T178-003   | Biological similarity не является functional proof.                         | formal_rule   |
| B178-BUILD | Отсутствует genome build или coordinate convention.                         | blocker       |
| B178-MAP   | Отсутствует transcript/protein mapping.                                     | blocker       |

## Библиографическая и источниковая карта

| Блок            | Источники / авторы / корпус    | Роль                                             |
|-----------------|--------------------------------|--------------------------------------------------|
| KLT master      | Монографии 5.0, 5.1, v170-v176 | Reper, D/Dom, Evidence-D                         |
| Protein routes  | UniProt, RCSB PDB              | Внешние источники для белков и структур          |
| DNA routes      | NCBI Datasets, Ensembl REST    | Внешние источники для генов, вариантов, сборок   |
| BIO/DNA project | v143-v147                      | Import harness, n>=20 contract, dashboard route  |
| NAPG bridge     | SIGMA/NAPG                     | Packet morphisms and Hodge/associator discipline |

## Финальная фиксация тома

v178 = Volume VII KLT-RBD BIO/DNA

protein/DNA status separation retained  
gene-transcript-protein morphism required  
truth\_status\_promoted\_count = 0  
publication\_verified\_status\_count = 0