

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСНОВЫ АЛГЕБРАИЧЕСКОЙ БИОЛОГИИ, ГЕШТАЛЬТ ГЕНЕТИКА И ТЕТРА-ЭЙДОСЫ Ю.И.КУЛАКОВА

С.В. Петухов

*Институт машиноведения им. А.А. Благонравова РАН,
Московская государственная консерватория им. П.И. Чайковского*

Тезисы. Статья посвящена универсальным алгебраическим закономерностям нуклеотидных последовательностей в ДНК геномов высших и низших организмов. Выявленные автором закономерности связаны с известным бинарным характером генетических структур и выражаются в геномных гештальт феноменах, которые аналогичны генетически наследуемым феноменам гештальтпсихологии. Это позволяет автору развивать идеи гештальт-генетики и алгебраической биологии. Множество генетических феноменов тетра-структуризации вызывает ассоциации с концепцией тетра-эйдосов Ю.И.Кулакова.

Ключевые слова: геномные правила, вероятности, бинарные оппозиции, тетрагруппировки, матричные представления, тензорное произведение, алгебраическая биология.

Введение

Многие науки обращаются к биологии в связи с антропоморфным лозунгом «человек – мера всех вещей» в надежде найти опору для решения своих собственных проблем. Их представители зачастую разделяют точку зрения Тейяра де Шардена: узнать, как образовался мир и какова его дальнейшая судьба, можно лишь «расшифровав» человека, поскольку человек как «предмет познания» - «это ключ ко всей науке о природе» [1]. При исследовании живых тел следует учитывать их ключевое отличие от неодушевленных, на которое указывали П.Йордан и (позже) Э.Шредингер: неодушевленные объекты управляются средним случайным движением их миллионов частиц, и движение отдельных частиц в них не существенно для целого; напротив, в живом организме избранные – генетические - молекулы

обладают диктаторским влиянием на весь организм за счет квантового усиления [2, 3].

В свете этого данная статья фокусируется на свойствах «диктаторских» молекул наследственности ДНК, информационные структуры в которых, как выясняется, обладают содержательным набором взаимно связанных алгебраических свойств на разных уровнях организации генетической информатики [4-11]. Эти свойства сопряжены с принципом бинарных оппозиций и множеством закономерных тетрагруппировок, вызывающих ассоциации с тетра-эйдосами Ю.И.Кулакова [12].

Напомним, что генетика и алгебраическая биология начались с открытия Менделя в опытах по скрещиванию организмов того, что наследование их признаков происходит по алгебраическим правилам бинарной оппозиции доминантных и рецессивных факторов наследования (несмотря на колоссальную сложность и неоднородность молекулярного состава тел). При этом согласно закону Менделя независимого наследования признаков, информация с уровня молекул ДНК диктует макроструктуры живых тел по многим независимым каналам, несмотря на сильные шумы и помехи. Например, цвета волос, глаз и кожи наследуются независимо друг от друга. Этот детерминизм обеспечивается неизвестными алгоритмами многоканального помехоустойчивого кодирования. Соответственно, каждый организм является машиной многоканального помехоустойчивого кодирования. Науке предстоит теоретически осмыслить подобные генетические феномены.

В живых организмах генетическая информация записывается единообразно в виде длинных текстов из четырех нуклеотидов (молекулярных букв). В молекулах ДНК такими буквами выступают аденин А, цитозин С, гуанин G и тимин Т. Последовательности нуклеотидов А, С, G, Т в одиночных нитях ДНК из геномов множества организмов представлены в открытом доступе в GenBank в стандартном виде, создающем впечатление хаотичного ДНК-текста из четырех букв, занимающего в силу его длины тысячи страниц (например, ДНК-текст первой хромосомы человека состоит примерно из 250 миллионов букв, что равносильно тексту 100 романов “Война и мир” Толстого). Для этих длинных нуклеотидных последовательностей одиночных нитей ДНК известно второе правила Чаргаффа: проценты нуклеотидов С и G в них примерно равны, как и проценты нуклеотидов А и Т. В данной статье

представляются результаты авторского анализа состава одиночных нитей геномных ДНК, выявившие их новые универсальные алгебраические закономерности.

Наука не знает, почему алфавит нуклеотидов ДНК состоит всего из четырех букв А, С, G, Т, но знает, что он является носителем симметрической системы бинарно-оппозиционных признаков (индикаторов):

1) два из 4 нуклеотидов являются пуринами (А и G), а два другие (С и Т) – пиримидинами. С позиций этих оппозиционных индикаторов можно представить $C = T = 1, A = G = 0$;

2) два из 4 нуклеотидов являются кето-молекулами (Т и G), а два другие (С и А) – амино-молекулами, что дает представление $C = A = 1, T = G = 0$.

Тем самым, уже на уровне алфавита нуклеотидов ДНК природой реализована схема двухуровневой дихотомии на принципе бинарных оппозиций. Она является лишь одним из множества подобных бинарных схем двухуровневой оппозиции, которые ассоциируются с концепцией Ю.И.Кулакова о бинарных эйдосах (черных и белых, мужских и женских) как основе законов физики и геометрии.

Указанная двухуровневая бинарность в системе 4 нуклеотидов позволяет представить ДНК-алфавиты 4 букв, 16 дуплетов и 64 триплетов в форме квадратных таблиц, столбцы которых нумеруются бинарными индикаторами “пиримидин или пурин” ($C=T=0, A=G=1$), а строки – бинарными индикаторами “амино или кето” ($C=A=0, T=G=1$). В таких таблицах все буквы, дуплеты и триплеты автоматически занимают свое строго индивидуальное место (Рис. 1).

	0	1																	
	0	С	А		00	01	10	11											
0	С	А		00	СС	СА	АС	АА											
1	Т	Г		01	СТ	CG	AT	AG											
				10	TC	TA	GC	GA											
				11	TT	TG	GT	GG											

	000	001	010	011	100	101	110	111
000	CCC	CCA	CAC	CAA	ACC	ACA	AAC	AAA
001	CCT	CCG	CAT	CAG	ACT	ACG	AAT	AAG
010	CTC	CTA	CGC	CGA	ATC	ATA	AGC	AGA
011	CTT	CTG	CGT	CGG	ATT	ATG	AGT	AGG
100	TCC	TCA	TAC	TAA	GCC	GCA	GAC	GAA
101	TCT	TCG	TAT	TAG	GCT	GCG	GAT	GAG
110	TTC	TTA	TGC	TGA	GTC	GTA	GGC	GGA
111	TTT	TTG	TGT	TGG	GTT	GTG	GGT	GGG

Рис. 1. Расположение ДНК-алфавитов 4 нуклеотидов, 16 дуплетов и 64 триплетов в таблицах, построенных на учете бинарно-оппозиционных молекулярных признаков в алфавите нуклеотидов С, А, Т, G.

Данные три таблицы являются не просто таблицами, но начальными членами единого тензорного семейства матриц $[C, A; T, G]^{(n)}$, где символ (n) обозначает тензорную степень ($n = 1, 2, 3, 4, \dots$). Вторая и третья тензорная (кронекеровская) степень $(2*2)$ -матрицы $[C, A; T, G]$ автоматически дают $(4*4)$ -матрицу алфавита 16 дуплетов и $(8*8)$ -матрицу алфавита 64 триплетов, показанные на Рис. 1. Тензорное произведение матриц играет важную роль в квантовой информатике и квантовой механике многокомпонентных систем: пространство состояния многокомпонентной системы является тензорным произведением пространств состояний ее компонент.

Кратко напомним здесь о пионерской статье [13], где впервые алфавит 4 нуклеотидов ДНК представлен в виде $(2*2)$ -матрицы, которая без пояснений возведена во вторую кронекеровскую степень для поиска генетических симметрий (более высокие степени не упоминались). Важная роль и отличительные особенности этой 4-страничной статьи, открывшей тему матричного анализа симметрий в системе генетического кодирования, описаны в книге [4, с. 134-136].

Некоторые результаты анализа генетической системы

Известно, что 64 триплета кодируют 20 наследуемых аминокислот, из которых состоят белки живых тел, а также стоп-сигналы белкового синтеза (стоп-кодона). Как же в этой матрице 64 триплетов (Рис. 1) расположены кодируемые ими 20 аминокислот и стоп-сигналы белкового синтеза? Это расположение нельзя предсказать, поскольку аминокислоты и нуклеотиды совершенно различны по строению. Число вариантов расположения аминокислот с их какими-то повторениями для заполнения всей $(8*8)$ -матрицы необозримо: $\gg 10^{100}$ (для сравнения в физике время существования Вселенной оценивается в 1017 секунд). Будет ли это расположение аминокислот хаотичным или вдруг окажется закономерно симметричным?

Проведенный автором анализ генетического кода митохондрий позвоночных, который считается наиболее симметричным и древним из диалектов генетического кода, показал, что из океана возможностей природа выбрала алгебраически закономерный вариант повторения и расположения аминокислот и стоп-сигналов в этой матрице 64 триплетов: в каждой из ее

четырёх парах строк 1-2, 3-4, 5-6, 7-8 обе строки оказываются идентичными по составу аминокислот и стоп-кодонов, кодируемых триплетами этих строк [4]. Эта закономерная связь кодируемых аминокислот и стоп-кодонов с тензорным семейством ДНК-алфавитов n -плетов является одним из свидетельств глубокой связи информационной системы генетического кодирования с формализмами квантовой информатики.

Обратимся теперь к алгебраическим закономерностям информационных последовательностей в одиночных нитях ДНК геномов высших и низших организмов. Будем исследовать геномный ДНК-текст как композитный, многослойный текст, в котором каждый n -й слой является последовательностью n -плетов, то есть “слов” длины n . Например, в тексте ACCTGTAACG... первый слой является последовательностью членов алфавита из 4 нуклеотидов (A-C-C-T-G-...), второй – последовательностью членов алфавита 16 дуплетов (AC-CT-GT-AA-CG-...), третий – последовательностью членов алфавита 64 триплетов (ACC-TGT-AAC-..) и т.д. Тем самым, текст каждого такого слоя написан в своем собственном алфавите, но все n -плетные алфавиты слоев тензорно взаимосвязаны через тензорное семейство матриц на Рис. 1. В каждом n -м слое будем подсчитывать проценты каждого из 4^n видов n -плетов и изучать взаимосвязи между ними. Этот авторский подход к анализу ДНК-текста как набора параллельных текстов обнаруживает важные алгебраические закономерности в генетической информатике высших и низших организмов. В силу ограниченного объема статьи ниже излагаются лишь формулировки результатов проведенного исследования без воспроизведения массива подтверждающих их количественных данных анализа десятков геномных ДНК-текстов, представленных в [6-8].

Проводившийся компьютерный анализ процентного состава n -плетов (прежде всего, при $n = 1, 2, 3, 4$) в каждом из названных слоев геномных ДНК-текстов давал всякий раз множества разнородных процентов, производящие на первый взгляд впечатление хаотичных. При этом процент n -плетов в слоях зависит от очередности букв. Например, в хромосоме человека №1 процент дуплетов CG и GC одинакового буквенного состава отличается в несколько раз: %CG = 0.0103, а %GC = 0.0440. Тензорные степени матрицы процентов нуклеотидов [%C, %A; %T, %G]^(n) дают условные, референтные проценты n -плетов, которые совершенно не совпадают с реальными процентами n -плетов в

n-плетных слоях исследуемого ДНК-текста.

Но неожиданно автором обнаружены тетра-блочные закономерности в этих множествах процентов дуплетов, триплетов, тетраплетов и т.д. в слоях геномных ДНК-текстов. Речь идет о четверках группировок *n*-плетов, в каждую из которых входят все *n*-плеты, объединенные тем признаком, что содержат один из четырех нуклеотидов С, G, А или Т на фиксированной позиции. Например, группировка дуплетов, имеющих нуклеотид С на первой позиции, содержит 4 дуплета СС, СG, СА, СТ (обозначим ее символом CN, где N – любая из четырех букв С, G, А, Т). Группировка дуплетов, имеющих нуклеотид С на второй позиции, содержит 4 дуплета СС, GС, АС, ТС (ее обозначение NC). Группировка триплетов, имеющих нуклеотид С на первой позиции, содержит 16 триплетов ССС, ССА, САС, САА, ССТ, ССG, САТ, САG, СТС, СТА, СGС, СGA, СТТ, СТG, СGT, СGG (ее обозначение CNN), и т.д. Суммы процентов *n*-плетов, входящих в такие группировки в слоях ДНК, обозначаются соответственно символами $\Sigma\%CN$, $\Sigma\%NC$, $\Sigma\%CNN$, и т.д. Названные тетрагруппировки называются *m*-позиционными, поскольку каждая группировка *n*-плетов определяется тем, на какой позиции в них стоит соответствующий атрибутивный нуклеотид. Найденные универсальные стохастические закономерности заключаются в постоянстве величин сумм процентов *n*-плетов, входящих в такие тетрагруппировки, относительно независимо от величин и количеств слагаемых в этих суммах, что показано на Рис. 2 для частного случая ДНК хромосомы человека №1.

$\%C \approx 0.2085$	$\%G \approx 0.2087$	$\%A \approx 0.2910$	$\%T \approx 0.2918$
$\Sigma\%CN \approx 0.2085$	$\Sigma\%GN \approx 0.2088$	$\Sigma\%AN \approx 0.2910$	$\Sigma\%TN \approx 0.2917$
$\Sigma\%NC \approx 0.2085$	$\Sigma\%NG \approx 0.2087$	$\Sigma\%NA \approx 0.2910$	$\Sigma\%NT \approx 0.2918$
$\Sigma\%CNN \approx 0.2084$	$\Sigma\%GNN \approx 0.2088$	$\Sigma\%ANN \approx 0.2910$	$\Sigma\%TNN \approx 0.2917$
$\Sigma\%NCN \approx 0.2085$	$\Sigma\%NGN \approx 0.2088$	$\Sigma\%NAN \approx 0.2910$	$\Sigma\%NTN \approx 0.2917$
$\Sigma\%NNC \approx 0.2085$	$\Sigma\%NNG \approx 0.2087$	$\Sigma\%NNA \approx 0.2910$	$\Sigma\%NNT \approx 0.2918$
$\Sigma\%CNNN \approx 0.2085$	$\Sigma\%GNNN \approx 0.2088$	$\Sigma\%ANNN \approx 0.2910$	$\Sigma\%TNNN \approx 0.2917$
$\Sigma\%NCNN \approx 0.2085$	$\Sigma\%NGNN \approx 0.2087$	$\Sigma\%NANN \approx 0.2910$	$\Sigma\%NTNN \approx 0.2918$
$\Sigma\%NNCN \approx 0.2085$	$\Sigma\%NNGN \approx 0.2088$	$\Sigma\%NNAN \approx 0.2910$	$\Sigma\%NNTN \approx 0.2918$
$\Sigma\%NNNC \approx 0.2085$	$\Sigma\%NNNG \approx 0.2087$	$\Sigma\%NNNA \approx 0.2910$	$\Sigma\%NNNT \approx 0.2918$

Рис. 2. Постоянство величин сумм процентов в *m*-позиционных тетра-группировках *n*-плетов из разных *n*-плетных слоев ДНК-текста

хромосомы человека №1.

В каждом из 4-х столбцов, связанном с одним из нуклеотидов С, G, А или Т, одно и то же суммарное число процентов повторяется во всех его строках и оно равно проценту этого нуклеотида %С, %G, %А, %Т с точностью до третьего или четвертого знака после запятой (Рис. 2). Зная процент нуклеотида в геномной ДНК, можно с высокой точностью предсказать суммы процентов 4 дуплетов, 16 триплетов, 64 тетраплетов с этим нуклеотидом на фиксированных позициях в дуплетном, триплетном и тетраплетном слоях ДНК-текста.

Это относительное постоянство сумм процентов автор называет гештальт-правилом процентов в геномах (для указанных m -позиционных тетрагруппировок n -плетов), которое формулируется так:

- Все n слоев длинного ДНК-текста, каждый из которых состоит из последовательности 4^n видов n -плетов, имеют приблизительно одинаковую сумму процентов всех тех n -плетов, которые содержат определяющий нуклеотид (С, G, А или Т) в фиксированной позиции m ($m \leq n$). Здесь $n = 1, 2, 3, 4, \dots$ много меньше длины геномного текста.

В разных геномах проценты нуклеотидов %С, %G, %А, %Т, которые определяют величины сумм процентов в этих тетрагруппировках n -плетов, могут сильно различаться. Но данное стохастическое гештальт-правило взаимозависимости сумм процентов n -плетов в n -плетных слоях геномных ДНК-текстов неизменно повторяется на всех протестированных автором геномах высших и низших организмов.

Если в ДНК-текстах геномов брать только каждую k -ю букву ($k = 2, 3, \dots, 10, \dots$), то образуются новые укороченные ДНК-тексты с новыми очередностями букв А, Т, С, G. Оказывается, что для каждого такого нового текста, называемого эпи-цепью ДНК порядка k , проценты отдельных n -плетов различны, но суммы процентов в тетрагруппировках исходной ДНК и ее эпи-цепей аналогичны [7, 8, 10]. Это свидетельствует о стохастическом фрактало-подобном строении длинных ДНК-текстов.

При расстановке группировок n -плетов из четырех столбцов Рис. 2 в матрицы тензорного семейства ДНК алфавитов на Рис. 1, возникают мозаичные матрицы, анализ которых выводит на связь с матричными представлениями

2^n -мерных гиперболических чисел типа $[a, b; b, a]^{(n)}$ и наборами самосопряженных операторов. Отметим, что тензорное семейство процентных матриц $[\%C, \%A; \%T, \%G]^{(n)}$ для одиочных нитей ДНК показывает такие идеализированные или референтные проценты дуплетов и других n -плетов, которые существенно отличаются от реальных процентов в геномах. Но при этом гештальт правило постоянства сумм процентов в тетрагруппировках выполняется также для этих референтных процентов [8].

Рис. 2 с его 4 столбцами гештальт-правил показывает, что алфавиты 16 дуплетов, 64 триплетов, 256 тетра-плетов и т.д. надо рассматривать как тетра-алфавиты, в каждом из которых - для каждой m -позиционной тетрагруппировки ($m \leq n$) - множество членов разделено на 4 численно равные группировки С- n -плетов, G- n -плетов, А- n -плетов, Т- n -плетов. Названное стохастическое гештальт-правило для m -позиционных группировок в слоях геномного ДНК-текста позволяет рассматривать этот ДНК-текст графически как особое многоуровневое дерево n -плетных текстовых слоев. Каждый n -й уровень этого дерева является последовательностью n -плетов, в которой феноменологическое гештальт-правило сумм процентов n -плетов выполняется для всех ее видов m -позиционных тетрагруппировок ($m = 1, 2, \dots, n$). Каждая m -позиционная тетрагруппировка дает возможность рассмотрения последовательности n -плетов, как последовательности членов соответствующего тетра-алфавита. Например, второй слой геномной ДНК является последовательностью 16 видов дуплетов, которые в случае 1-позиционной тетрагруппировки дуплетов распределены между следующими членами тетра-алфавита: (CC, CG, CA, CT), (GC, GG, GA, GT), (AC, AG, AA, AT), (TC, TG, TA, TT). Обозначим эти 4 члена с их дуплетами символами $\alpha, \beta, \gamma, \delta$ соответственно и заменим каждый дуплет этого второго слоя геномной ДНК соответствующим символом. При таком переобозначении второй слой ДНК окажется вдвое укороченной последовательностью из четырех видов букв $\alpha, \beta, \gamma, \delta$.

Та же самая последовательность 16 видов дуплетов второго слоя ДНК в случае иной - 2-позиционной - тетрагруппировки дуплетов представляется как последовательность 4 видов членов другого тетра-алфавита: (CC, GC, AC, TC), (CG, GG, AG, TG), (CA, GA, AA, TA), (CT, GT, AT, TT). Обозначим эти 4 члена с их дуплетами символами $\varepsilon, \zeta, \eta, \theta$ соответственно и заменим каждый дуплет

этого второго слоя геномной ДНК соответствующим символом. При таком переобозначении второй слой ДНК окажется вдвое укороченной последовательностью из четырех видов букв $\epsilon, \zeta, \eta, \theta$.

Каждая из двух так полученных последовательностей 4 букв $\alpha, \beta, \gamma, \delta$ и 4 букв $\epsilon, \zeta, \eta, \theta$ вновь может быть рассмотрена как композитный, многослойный текст, в котором каждый n -й слой является последовательностью n -плетов, составленных на этот раз из соответствующих 4 греческих букв. Замечательным феноменологическим фактом является то, что в этих новых двух последовательностях n -плетов и в их слоях реализуются те же самые гештальт-правила постоянства сумм процентов n -плетов для α -, β -, γ -, δ -группировок в первой “греческой” последовательности, а также для ϵ -, ζ -, η -, θ -группировок во второй “греческой” последовательности. При этом, например, в случае ДНК хромосомы человека №1 величины этих сумм в данных греческих текстах оказываются теми же самыми, что представлены в 4 столбцах Рис. 2 для нуклеотидного текста данной ДНК: в этих 4 столбцах достаточно заменить символы нуклеотидов С, G, А, Т символами указанных греческих тетра-алфавитов, чтобы получить две аналогичные таблицы выполнения гештальт-правил в этих двух свернутых текстах, представляющих второй слой геномного ДНК-текста. Стохастические последовательности n -плетов, для которых выполняются названные гештальт-правила, мы кратко называем гештальт-текстами. Соответственно во втором слое геномной ДНК представлены два вида свернутых гештальт-текстов (в двух разных тетра-алфавитах), каждый из которых может быть в свою очередь рассмотрен как многослойный для выявления содержания в нем множества гештальт-текстов следующего поколения свертки.

Аналогично для третьего – триплетного – слоя геномной ДНК существует три m -позиционных тетрагруппировки триплетов ($m = 1, 2, 3$). Они задают три вида m -позиционных тетра-алфавитов и соответственно три вида свертки геномного ДНК-текста в три новые “греческие” текста, каждый из которых также оказывается гештальт-текстом, численно привязанным к 4 столбцам на Рис. 2 в случае хромосомы человека №1. То же самое имеет место для четвертого слоя этого ДНК-текста, в котором содержится 4 вида m -позиционных тетра-алфавитов, определяющих соответственно 4 разных гештальт-текста с их привязкой к процентным суммам на Рис. 2. Полученные

автором данные свидетельствуют в пользу того, что многослойные геномные ДНК-тексты представимы как многоуровневые ветвистые деревья, на каждом уровне которых имеется соответствующий набор ветвей свернутых стохастических тетра-буквенных гештальт-текстов, суммы процентов n -плетов в тетра-группировках которых практически одинаковы, являясь инвариантами перехода между всеми ветвями дерева (значения n не должны быть слишком большими). Переходы от уровня к уровню на этом дереве сопровождаются тетра-размножениями количеств тетра-алфавитов и гештальт-текстов, напоминающими размножение половых клеток при мейозе, когда из одной половой клетки, несущей весь геном, порождается четыре новых.

До этого момента мы рассматривали гештальт правила многослойных ДНК-текстов геномов, связанные с постоянством сумм процентов в случае m -позиционных тетрагруппировок n -плетов, в которых роль атрибутивного элемента группировки выполнял один из 4 нуклеотидов С, G, A, T. Оказывается, что аналогичные геномные гештальт правила выполняются для тетрагруппировок, в которых роль атрибутивного элемента группировки n -плетов выполняет один из 16 дуплетов, или один из 64 триплетов, и т.д. (mm -, mmm -тетрагруппировки). В этом случае мы имеем выполнение аналогичных правил для всех 16 тетрагруппировок типа СА-тетрагруппировка, для всех 64 тетрагруппировок типа САТ-тетрагруппировка, и т.д. (см. подробности в [8, 10, 11]).

Полученные данные о закономерном постоянстве сумм процентов n -плетов в mm - и mmm -тетрагруппировках являются частными примерами весьма общего принципа эстафетной (или волновой) гештальт связи вероятностей содержания n -плетов в соседних слоях длинных ДНК. Этот принцип заключается в количественном соответствии между каждым видом P_n n -плетов в n -м слое ДНК и теми двумя четверками $(n+1)$ -плетов очередного $(n+1)$ -го слоя, для которых он является атрибутивным элементом (то есть четверками P_nC , P_nG , P_nA , P_nT или CP_n , GP_n , AP_n , TP_n). Данное соответствие выражается в том, что сумма процентов каждой из двух названных четверок $(n+1)$ -плетов в $(n+1)$ -м слое практически равна проценту n -плета P_n в предыдущем n -м слое ДНК:

$$\%P_n \approx \%P_nC + \%P_nG + \%P_nA + \%P_nT \approx \%CP_n + \%GP_n + \%AP_n + \%TP_n \quad (1)$$

Выполнение этого гештальт принципа (1) эстафеты вероятностей выдерживается не только для взаимосвязи первого, второго, третьего и четвертого слоев геномных ДНК, но также для слоев с более высокими номерами n , хотя с ростом значений n точность выполнения названного равенства уменьшается. Данная эстафетная гештальт связь (1) в геномах каждого n -плета с четверкой $(n+1)$ -плетов очередного $(n+1)$ -го слоя ДНК напоминает общебиологический процесс учетверения при мейозе, в ходе которого из одной половой клетки образуется четыре аналогичные половые клетки. Эта же эстафетная связь (1) отдаленно напоминает принцип Гюйгенса эстафетного характера: каждая точка волнового фронта является вторичным, то есть новым источником сферических волн.

Отметим кратко, что гештальт правила постоянства сумм процентов n -плетов в разных слоях геномных ДНК-текстов выполняются - помимо описанных выше m -позиционных тетрагруппировок - также еще для одного класса тетра-группировок, называемых проекторными в силу их связи с несимметричными матрицами, представляющими особый тип косых проекторов с алгебраическими свойствами, полезными для моделирования состояний многопараметрических систем циклического и волнового характера [8, 10, 11].

Генетически наследуемая физиология и гештальт-генетика

Основанием для введения названия “гештальт-генетика” является аналогия описанного геномного правила постоянства сумм процентов, относительно независимого от слагаемых, с наследуемыми феноменами гештальтпсихологии, изучающей свойства мозга формировать целостные образы, относительно независимые от их частных компонент. Так, музыкальная мелодия распознается нами, даже когда она играет на разных инструментах и в разных диапазонах с измененным частотным составом ее компонент. То же самое относится к зрительному восприятию картин. Это наследуемое свойство психики – искать в разрозненном целое. Благодаря способности мыслить гештальтами вы можете понять написанное предложение, даже если в каждом слове поменять порядок букв и оставить на месте только начальные и конечные. Названная аналогия позволяет автору развивать гештальт-генетику, которая изучает целостные генетические паттерны, относительно независимые от

частных компонент [8, 10, 11]. Отметим, что все физиологические системы вынужденно несут на себе структурную печать специфики генетического кода, поскольку генетически кодируются для передачи потомкам и выживания.

По мнению автора, истоки генетически наследуемой способности мозга к работе с гештальт-образами лежат в гештальт-генетике. В частности, гештальт-генетика способна дать новые подходы к пониманию помехоустойчивости генетической информации при мутациях ДНК-текстов. Помимо феноменов гештальтпсихологии в биологии известно много других генетически наследуемых физиологических феноменов – морфогенетических, гомеостатических, сенсорных, и пр. -, в которых устойчивый целостный паттерн реализуется в условиях широкого изменения составляющих его компонент.

Например, молекулярный состав живого тела постоянно изменяется при сохранении формы тела. Белки нашего тела включены в непрерывные циклы “жизнь-смерть” сборки и разборки их на аминокислоты. Так, период полураспада гормона инсулина равен 6-9 минут. Другими словами, генетически наследуемые части нашего тела постоянно умирают и возрождаются. По словам физиолога А.Г.Гурвича, основной проблемой биологии является поддержание формы при постоянном обновлении субстрата.

Физиология знает, что люди с врожденным отсутствием конечностей ощущают их реально существующими, то есть их мозг несет информацию о них, хотя не имеет никакого прижизненного опыта владения конечностями. Тем самым, представление индивида о пространственной целостной схеме своего тела (гештальт-схеме) вовсе не обусловлено жизненным опытом его нервной системы по пользованию телом, а носит генетически наследуемый врожденный характер. И это представление о целостной схеме тела сохраняется в условиях постоянного обновления молекулярного состава тела.

Гештальт-генетика касается также наследуемого феномена биомеханики движений, описанного классиком биомеханики Н.А.Бернштейном: общая целевая задача движения выполняется точно независимо от неточностей составляющих ее двигательных подзадач. Например, при повторении точного удара молотком по гвоздю, человек всякий раз использует разные траектории, скорости и ускорения движения частей тела.

Одной из частей темы алгебраической гештальт-генетики и связанных с ней феноменов физиологии является основной психофизический закон Вебера-

Фехнера. Этому единому логарифмическому закону подчиняется наше восприятие мира - зрительное, слуховое, обонятельное, тактильное, вкусовое и пр. - по генетически наследуемым сенсорным каналам, несмотря на радикальные различия органов чувств (глаз, ушей, носа, ...) по внешнему виду, молекулярному составу и типу рецепторов. Данный закон гласит, что интенсивность восприятия пропорциональна логарифму интенсивности стимула. В силу этого закона, например, сила звука в технике измеряется в логарифмической шкале децибел. Через свой логарифмический характер закон Вебера-Фехнера связан с гиперболическими поворотами [5, 8-11], которые являются частным случаем выше упомянутых гиперболических чисел (недаром натуральные числа в начале своей истории назывались гиперболическими логарифмами). Существенно, что генетически наследуемый закон Вебера-Фехнера является законом далеко не только нервной системы; он также выполняется для низших организмов, не имеющих нервных клеток, а потому является не законом нервной системы и ее центров, но законом протоплазмы вообще и ее способности отвечать на раздражения.

Гештальт правила тетрагруппировок и квантовая информатика.

В квантовой механике и квантовой информатике при анализе вероятностей событий учитываются амплитуды этих вероятностей, равные квадратному корню из их значений. Описанное выше правило геномного гештальта для процентных сумм n -плетов (в С-, G-, A- и T-группировках) было выявлено при анализе сумм вероятностей n -плетов из определенных группировок, например, всех дублетов, начинающихся с буквы С: $\Sigma \%CN = \%CC + \%CA + \%CT + \%CG$. Каждая из этих вероятностей $\%CC$, $\%CA$, $\%CT$ и $\%CG$ имеет свою собственную амплитуду в виде квадратного корня из нее. Сумму процентов (то есть вероятностей) n -плетов в подобных группировках можно интерпретировать как квадрат длины соответствующего вектора, компоненты которого равны амплитудам этих вероятностей. Например, величина суммы процентов 4 дуплетов $\%CC + \%CG + \%CA + \%CT$ является квадратом длины 4-мерного вектора $[\sqrt{\%CC}, \sqrt{\%CG}, \sqrt{\%CA}, \sqrt{\%CT}]$. С этой точки зрения постоянство величин сумм процентов в столбцах на Рис. 2

означает постоянство длины тех 2^n -мерных векторов, координаты которых являются амплитудами вероятностей соответствующих n -плетов.

Сравним все m -позиционные тетрагруппировки в случае реальных процентов n -плетов (аналогично показанным на Рис. 2) и в случае их референтных процентов в матрицах $[\%C, \%A; \%T, \%G]^{(n)}$, для которых также выполняется гештальт правило сумм процентов. Во всех сравниваемых тетрагруппировках соответствующие 2^n -мерные векторы амплитуд вероятностей отдельных n -плетов имеют разные значения координат. Но длины этих векторов в сравниваемых случаях равны между собой в силу названного правила равенства сумм процентов n -плетов в каждой группировке одному и тому же значению, то есть проценту соответствующего нуклеотида в анализируемом геномном ДНК-тексте. Соответственно, эти векторы одинаковой длины могут быть преобразованы друг в друга с помощью унитарных преобразований, которые не изменяют длину векторов и являются либо поворотами, либо зеркальными отражениями.

Таким образом, алгебраический подход выявляет связь процентного состава структурированных геномных текстов с унитарными операторами, которые являются ключевыми для квантовой информатики: как известно, все вычисления в квантовых компьютерах и алгоритмах квантового поиска основаны на унитарных операторах в качестве квантовых вентилях. Любая унитарная матрица может служить квантовым вентилем. В квантовой механике эволюция замкнутой квантовой системы описывается унитарными преобразованиями. Статья [14] представляет другие свидетельства связи структурированной системы генетического кодирования с унитарными матрицами.

Попутно можно отметить, что вся генетически унаследованная кинематическая схема движений нашего тела с его частями построена на поворотах в суставах и зеркальных отражениях, то есть на унитарных трансформациях. Унитарные преобразования вращения позволяют моделировать известный морфогенетический гештальт-феномен спирализации в биологии. Он заключается в систематическом существовании спиральных морфологических конфигураций на разных уровнях и ветвях биологической организации независимо от их генетически унаследованного биоматериала. В этой связи Гете называл спирали «символами жизни».

На выявляемой связи генетики с квантовой информатикой открывается возможность внедрения в алгебраическую биологию богатых формализмов квантовой механики и квантовой информатики для взаимного обогащения данных наук и включения биологии в область развитого математического естествознания. Излагаемые результаты существенно дополняют рассуждения о живых организмах как квантовых компьютерах, представленные в публикациях многих авторов. Они также касаются связи описанных выше генетических феноменов с популярной теорией Г. Фрелиха о коллективных квантовых эффектах в биологических системах по аналогии с квантовым конденсатом Бозе-Эйнштейна [11, 15].

Количественные закономерности геномов и гармоническая прогрессия.

При описанном композитном, многослойном представлении длинного ДНК-текста каждый его n -й слой, имеющий вид цепи n -плетов как его звеньев, содержит в n раз меньше звеньев, чем количество звеньев в первом однобуквенном слое. В силу феноменологического равенства в геномных ДНК-текстах сумм процентов n -плетов, принадлежащих к А-, Т-, С- и G-группировкам, можно ожидать, что суммарное количество n -плетов, например, с буквой А на их первой позиции будет зависеть от номера n слоя по гиперболической зависимости $1/n$. Это ожидание оправдывается в проведенных исследованиях.

Например, в первых 20 слоях ДНК-текста хромосомы человека №1 подсчет количества их n -плетов, начинающихся с А, дает серию из 20 многомиллионных чисел. Эта полученная последовательность 20 чисел практически совпадает с гиперболической последовательностью $S(n) = 67070277/n$, числителем которой служит количество нуклеотидов А в этой ДНК. Отклонения реальных количеств от модельной последовательности $S(n)$ составляют сотые доли процента и лежат в диапазоне $\pm 0.03\%$. Сходные результаты получается в этом же ДНК-тексте при его многослойном представлении с подсчетом суммарного количества n -плетов, начинающихся с любой из других трех букв Т, С или G (в числителях этих гиперболических зависимостей стоят количества соответствующих нуклеотидов).

Аналогичные гиперболические взаимосвязи n -плетных сумм в каждой

из А-, Т-, С- и G-группировок n -плетов 20 первых слоев геномных ДНК-текстов получены автором для ДНК: 1) всех 24 хромосом человека, сильно различающихся своей длиной, а также количеством и видом генов в них; 2) всех хромосом дрозофилы, мыши, червя, многих растений; 3) 19 геномов бактерий и архей; 4) многих экстремофилов, живущих в экстремальных условиях, например, радиации с уровнем в 1000 раз превышающим смертельный для человека. Численные данные анализа этим авторским методом геномных ДНК-текстов эукариот и прокариот представлены в [6-8].

Найденные гештальт-правила процентов в геномах и соответствующие гиперболические взаимосвязи количеств n -плетов в геномах являются кандидатами на роль универсальных генетических правил. Данные алгебраические инварианты глобально-геномного характера сохраняются неизменными на протяжении миллионов лет биологической эволюции, по ходу которой отмирают миллионы видов живых организмов и возникают новые (хотя локально геномные последовательности изменяются из-за действия мутаций, пресса естественного отбора и пр.). Это затрагивает вопрос о происхождении жизни и информационной связи всех организмов, коль скоро данные алгебраические структуры и правила характеризуют геномы даже бактерий и архей.

Отметим, что гиперболические правила геномов кардинально отличаются от известного гиперболического правила Ципфа, не связанного с кодированием информации и сформулированного в лингвистике для процентов встречи отдельных слов в длинных текстах. Геномные правила n -плетных сумм в многослойном представлении кодирующих ДНК-текстов говорят не о проценте встречи отдельных фрагментов текста, а о суммах множества различных n -плетов, распределенных в геномном ДНК-тексте, в котором каждый нуклеотид является составной частью многих n -плетных тетрагруппировок, существующих одновременно (каждый нуклеотид А, Т, С и G является распределенным участником многих членов соответствующих последовательностей сумм n -плетов А-, Т-, С- и G-группировок одновременно и делает вклад в каждую из них). Кратко говоря, эти правила - геномов и Ципфа - относятся к существенно разным структурам.

Модельные гиперболические последовательности типа $S(n) = Q/n$, где Q в числителе означает количество соответствующего нуклеотида А, Т, С или G

в геномном ДНК-тексте, выступают математическими стандартами для гиперболических правил сумм количеств n -плетов в разных геномах. Эти гиперболические последовательности отличаются только величиной числителей. Нормировка этих последовательностей делением на величины числителей приводит их к исторически известной гармонической прогрессии:

$$1, \ 1/2, \ 1/3, \ 1/4, \ 1/5, \ \dots, \ 1/n \quad (2)$$

Свое имя она получила в силу связи с гармониками в музыке и длинами стоячих волн в колеблющейся струне. Гармоническая прогрессия (2) изучалась Пифагором, Лейбницем, Ньютоном, Эйлером, Фурье, Дирихле, Риманом в связи с разными задачами математики и физики. Ныне гармоническая прогрессия неожиданно проявила себя во всех протестированных геномах, то есть в информационных основах живой материи.

Гармоническая прогрессия со времен Пифагора ассоциируется с гармониками музыки и стоячими волнами в резонаторах. Это позволяет предполагать, что связь гармонической прогрессии с численной фрактальной структурой спиральных ДНК-текстов имеет резонансную природу и отражает существование некой системы стоячих волн. Данное предположение согласуется с гипотезами о том, что спиральные ДНК являются спиральными антеннами электромагнитных волн, а потому, как и другие спиральные хиральные биомолекулы, эмитируют и адсорбируют электро-магнитные волны определенной круговой поляризации, которая обеспечивает биомолекулам возможность обмена радиоволнами избирательной поляризации. Это также согласуется с авторской концепцией мульти-резонансной генетики [5].

Электрические и механические колебания в живых телах тесно связаны, поскольку многие их структуры являются пьезоэлектриками: нуклеиновые кислоты, актин, дентин, сухожилия, кости, и пр. Тем самым, электромагнитные феномены в них сопровождаются феноменами вибрационной механики. Тема связи музыкальной гармонии с биологическими структурами неоднократно рассматривалась в литературе, например, в [4]. Глубокая связь музыки с математикой давно утверждалась мыслителями. Например, Г. Лейбниц полагал, что музыка есть арифметика души, которая вычисляет, сама того не сознавая.

Характерно, что в живой природе информация на разных уровнях

организации передается в виде цепевидных текстов: цепи нуклеотидов ДНК, белковые цепи аминокислот, последовательности импульсов в нейронах, литературные тексты, музыкальные тексты. Геномные ДНК-тексты с их гештальт-правилами могут рассматриваться как метатексты при анализе биологических текстов различного вида.

Э.Шредингер [16, С. 77] писал: *«Для организма следует ожидать новых законов. ... все известное нам о структуре живой материи заставляет ожидать, что деятельность живого организма нельзя свести к проявлению обычных законов физики ... потому, что его структура отличается от всего изученного нами до сих пор в физической лаборатории»*. Для сравнения, ферменты в живых организмах работают в миллионы раз эффективнее, чем лучшие катализаторы в лабораториях. То, что делает фермент в живом теле за 1 секунду, катализатор в лаборатории может сделать только за 100 тысяч лет.

Насколько мы понимаем, найденные гештальт-правила “диктаторских” ДНК-текстов не выводятся из известных законов физики, а потому относятся к тем законам структуризации живого, о которых говорил Шредингер.

О тетра-эйдосах Ю.И.Кулакова и предгеометрии

Изложенное выше говорит об огромном количестве алгебраически взаимосвязанных и бинарно-организованных тетрагруппировок n -плетов, характеризующих универсальные закономерности многослойного состава геномных ДНК-текстов высших и низших организмов. Этот принцип тетрагруппирования напоминает общебиологический феномен мейоза, заключающийся в порождении из одной половой клетки четырех новых половых клеток. Он также перекликается с тетрачисловыми фактами ДНК-алфавита четырех нуклеотидов и четырехкратным увеличением числа членов в ДНК-алфавитах n -плетов, которое выражается как 4^n .

Отдельно отметим, что описанные в статье связи тетра-структурированной молекулярно-генетической системы с широким множеством выявленных автором бинарно-организованных тетра-группировок вызывают ассоциации с концепцией Ю.И. Кулакова о бинарных эйдосах (черных и белых, мужских и женских) как основе законов физики и геометрии [12]. Эта концепция включает положение о двух парах постоянных белых и черных

эйдосах женского и мужского рода и о существовании тетрадного алфавита мироздания [10, 11].

Автор статьи с благодарностью вспоминает стимулирующий интерес Ю.И.Кулакова к генетическим исследованиям, отраженный, в частности, в обширной личной переписке и его тезисах на Философском конгрессе 2009 года: *“Полученные в [12] и [2] результаты свидетельствуют в пользу того, что живое вещество надделено специфической программой, основанной на едином формализме, лежащем в основаниях традиционной логики и традиционной физики”*. Автор был счастлив получить от него эти тезисы с припиской: *“Ваша книга [2] является для меня неиссякаемым источником новых идей”*.

Продолжение работ Ю.И.Кулакова и его соратника Г.Г.Михайличенко в бинарной геометрофизике Ю.С.Владимирова [17-19] связано с важным понятием предгеометрии в теории систем отношений. По отношению к этой предгеометрии понятия пространства и времени являются вторичными. Очень похоже на то, что генетическая система с ее первичными системами бинарных отношений построена именно на их предгеометрии. При таком понимании из этой бинарной генетической предгеометрии должны вытекать в качестве вторичных понятия биологического времени и пространства организмов. К теме бинарных отношений в генетике напомним, что физиология генетически наследуемых активных тканей строится на фундаментальном бинарном законе «все или ничего»: нервная клетка и мышечная единица дают ответы только «да» или «нет» на действия различных стимулов. На подпороговые стимулы они не реагируют, а на надпороговые реагируют полной амплитудой. Крокодильчики и черепашки, вылупившись из яйца и не имея опыта работы с пространством и временем, сразу ползут к воде вполне координированными движениями за счет генетически наследуемой согласованной активности миллионов их бинарно работающих нервных и мышечных клеток.

Кратко отметим еще связь изложенных выше феноменологических данных о геномных ДНК с известным в метафизике принципом «триединства» или «троицы». Двойная спираль сама по себе представляет троицу, состоящую из двух нитей ДНК, соединенных комплементарными связями нуклеотидов в единое целое. На Рис. 1 показано тензорное семейство генетических матриц $[C, A; T, G]^{(n)}$. Заменяя в них каждый нуклеотид на комплементарный, получаем

“комплементарное” семейство матриц $[G, T; A, C]^{(n)}$ Оказывается, что для углубленного изучения алгебраических структур молекулярно-генетической системы полезно рассматривать троицу: два комплементарных тензорных семейства генетических матриц $[C, A; T, G]^{(n)}$ и $[G, T; A, C]^{(n)}$, повернутых друг относительно друга на 180 градусов, а также их сумму в виде семейства симметричных матриц $[C+G, A+T; T+A, G+C]^{(n)}$, которое при подстановке численных характеристик нуклеотидов является семейством самосопряженных операторов. Эта матричная троица напоминает бинарный символ Инь-Янь, объединяющий две симметричные половинки, повернутые на 180 градусов: ☯.

История бинарных схем восходит к древнекитайской “Книге перемен” (И-Цзин), написанной несколько тысяч лет назад. Ее доктрины и Инь-Янь схемы в виде наборов 4 биграмм, 8 триграмм и 64 гексаграмм и доктрины оказали мощное влияние на медицину, науку и культуру древнего Китая и ряда других стран. Аналогично, как давно отмечал ряд авторов, генетический код построен на молекулах ДНК с использованием 4 нуклеотидов, 16 дуплетов и 64 триплетов [4, С. 279-296]. Древние китайцы утверждали, что Инь-Янь таблица 64 гексаграмм в порядке Фу-Си является универсальным архетипом природы. Они ничего не знали о генетическом коде, но генетический код во многих аспектах оказался устроенным в соответствии с бинарными схемами И-Цзин. Параллелизмы между положениями современных западных наук и древних восточных учений интересуют многих ученых [20, 21]. Например, создатель аналитической психологии К. Юнг разработал свое учение о коллективном бессознательном в связи с «Книгой перемен». По словам Юнга и его соратника В. Паули, триграммы и гексаграммы этой книги «фиксируют универсальный набор архетипов (врожденных психических структур)» [22, С. 12]. Нильс Бор выбрал символ Инь-Янь в качестве своего герба.

Автором выявлены нетривиальные структурные аналогии между знаменитой таблицей 64 гексаграмм И-Цзин и мозаичными матрицами, которые сопряжены с описанными генетическими гештальт-феноменами и представляют расположение m -позиционных тетрагруппировок в наборе 64 триплетов [8, 10, 11]. Соответственно, эти данные подтверждают, в частности, что обнаруженные генетические гештальт-феномены и описанные генетические гештальт-правила имеют содержательное отношение к свойствам генетически унаследованных психологических феноменов и богатой теме архетипов природы.

Дополнительно можно упомянуть, что матрицы из 4 биграмм, 16 тетраграмм и 64 гексаграмм И-Цзин могут быть представлены как взаимосвязанные члены тензорного семейства матриц по аналогии с тензорным семейством генетических матриц n -плетов на Рис. 1 (подробнее см. в книге [2, С. 287]). Такие тензорные семейства различных $(2^n * 2^n)$ -матриц позволяют искать новые «врожденные психические структуры» и архетипы природы.

Остановимся еще на давно отмечаемых структурных аналогиях ДНК алфавитов с 4-секторными мандалами, сопряженными с бинарными схемами И-Цзин. На протяжении тысячелетий миллионы буддистов, индуистов и других верующих создавали 4-секционные мандалы как инструмент медитации для достижения «просветления» и исцеления. К. Юнг и его соратник В. Паули считали такие мандалы врожденным архетипом бессознательного и сопряжением космограммы с психограммой, способным гармонизировать психику приведением к тождеству всех жизненных оппозиций. Юнг полагал, что *«мандала это изображение психического процесса, воссоздание нового центра личности. Символически выражается при помощи круга, симметричного расположения некоего четырехкратного количества. В ламаизме и тантра-йоге является инструментом созерцания (янтра), местом рождения и пребывания божества»* [23, с. 200]. Он также полагал, что психическая целостность – *«это Самость, которая проявляется в множественности, так называемой четверичности. Применение сравнительного метода показало, что четверичность является более или менее прямым изображением Бога, проявляющегося в своих созданиях»* [23, с.88].

Тема мандал издревле связана с темой музыкальной гармонии устройства мира. Древние учения «просветленных» мудрецов Индии, Китая и других стран утверждали взгляд на музыкальную гармонию как на нечто изначальное. Соответственно тысячелетия практик медитации с использованием мандал сопряжены для буддистов с идеей музыкальной гармонии, отраженной в рядах закономерно масштабируемых колоколов в древних буддийских монастырях.

Обнаружение описанной выше связи многослойных ДНК-текстов с гештальт правилами тетрагруппировок и гармонической прогрессией $1/n$ из темы музыкальной гармонии позволяет автору строить «геномные» 4-секторные

мандалы алгебро-гармонического числового характера. В этих мандалах все сектора и все их кольца взаимно связаны гармонической прогрессией, сопряженной с гармониками в музыке. Для геномных ДНК-текстов кроме численной мандалы первого порядка, основанной на n -плетах, начинающихся с одного из 4 моноплетов А, Т, С и G, существуют численные мандалы второго, третьего и более высоких порядков, основанные на описанных выше тетрагруппировках n -плетов, начинающихся с одного из 16 дуплетов, или одного из 64 триплетов, и т.д. Тем самым, имеется огромная фрактало-подобная иерархия численных ДНК-мандал, завязанная на геномные гештальт правила и музыкальные гармоника. Этот «хор» геномных ДНК-мандал можно озвучивать или представлять в цвете, вибрациях, электростимулах и пр. в технологических целях, включая развитие древних технологий мандал-музыкальных медитаций для просветления и оздоровления.

В связи с вопросами о специфике работы мозга отметим еще суждение В.В.Налимова, заместителя А.Н.Колмогорова по лаборатории теории вероятностей мехмата МГУ [24, §4]: *«В связи с проблемой искусственного интеллекта обострился интерес к представлению о метрике пространств математического мышления. ... Искусственный интеллект мог бы быть сближен с математическим мышлением, если бы оказалось возможным осознать метрические свойства пространства мышления человека.... мы готовы идти дальше и говорить, что само сознание структурировано геометрически: экзистенциально человек геометричен. ... Желая усилить аргументацию этого утверждения, мы обратим здесь внимание на геометрическую обусловленность зрительного восприятия. Наше зрительное восприятие – это не автоматическое перенесение внешнего Мира в наше сознание, а его сложное воспроизведение, отвечающее определенным геометриям. Эта тема обстоятельно рассмотрена в книге Петухова [4] Несколько перефразируя суждение Петухова, мы можем сказать, что в нашем сознании при построении текстов, через которые мы воспринимаем Мир, происходит что-то очень похожее на то, что происходит в морфогенезе. Мы готовы увидеть в глубинах сознания те же геометрические образы, которые раскрываются в морфогенезе».*

В научном сообществе давно обсуждается вопрос о соотношении врожденных знаний и знаний, приобретаемых по ходу жизни. Крайняя точка

зрения сформулирована в знаменитом утверждении Платона о том, что познать значит вспомнить. Близко к этому то мнение, что наше тело с его нервной системой и всем прочим уже несет в себе полноту знаний, которые частично приходят в наше сознание при их настойчивом запросе. Но наше тело генетически наследуется от поколения к поколению, а значит, видимо, генетически наследуются заложенные в него знания. Возникает вопрос, не является ли удивительно структурированная генетическая система, обладающая обширными алгебраическими фрактало-подобными и иерархическими структурами, носителем или проявителем этих телесных знаний? Или геномы служат сложной фрактальной антенной для получения информации извне, и тогда благодаря геномам наше тело является подключенным пользователем неких космических знаний и программ? Данные вопросы подлежат изучению.

Выводы

1) Композитные ДНК-тексты геномов обладают описанными универсальными алгебраическими особенностями и неизвестными ранее симметриями;

2) Эти алгебраические особенности геномов позволяют развивать гештальт-генетику и выявлять структурные связи генетики с формализмами квантовой информатики;

3) Полученные результаты позволяют рассматривать живые организмы как квантово-информационные алгебро-гармонические сущности на блочных принципах;

4) Появляются новые подходы к анализу биологических текстов различного вида по аналогии с геномными;

5) Согласно полученным данным, биоинформатика базируется на вероятностных методах многослойного кодирования и обработки информации, формирующих из особых вероятностных последовательностей закономерные целостные образы (гештальт паттерны);

6) Полученные результаты перекликаются с концепцией тетра-эйдосов Ю.И.Кулакова и привлекают внимание к возможностям использования теории физических структур и систем отношений в познании генетических основ организмов и развитии алгебраической биологии;

7) Результаты матричной генетики и алгебраической биологии желательно учитывать при совершенствовании систем искусственного интеллекта.

ЛИТЕРАТУРА

1. *Тейяр де Шарден*. Феномен человека. - М., Наука, 1987.
2. *Jordan P.* Die Quantenmechanik und die Grundprobleme der Biologie und Psychologie // *Naturwissenschaften* 20, S. 815–821, 1932.
3. *McFadden J., Al-Khalili J.* The origins of quantum biology // *Proceedings of the Royal Society A*. - 12 December 2018. - Vol. 474. - Issue 2220. - P. 1-13, <https://royalsocietypublishing.org/doi/full/10.1098/rspa>.
4. *Петухов С.В.* Матричная генетика, алгебры генетического кода, помехоустойчивость. – М., Регулярная и хаотическая динамика, 2008. – 316 с.
5. *Petoukhov S.V.* The system-resonance approach in modeling genetic structures. // *Biosystems*. – 2016. - v. 139. - P. 1-11.
6. *Petoukhov S.V.* The rules of long DNA-sequences and tetra-groups of oligonucleotides. Version 6, from 22 May 2020, [arXiv:1709.04943v6](https://arxiv.org/abs/1709.04943v6).
7. *Petoukhov S.V.* Hyperbolic Rules of the Cooperative Organization of Eukaryotic and Prokaryotic Genomes. // *Biosystems*. – 2020. - 198, 104273.
8. *Petoukhov S.V.* Algebraic Rules for the Percentage Composition of Oligomers in Genomes. Preprints 2021, 2021010360, 2021, <https://www.preprints.org/manuscript/202101.0360/v2>.
9. *Petoukhov S.V.* Modeling inherited physiological structures based on hyperbolic numbers. // *BioSystems*. - 2021. - Vol. 199, 104285, <https://doi.org/10.1016/j.biosystems.2020.104285>.
10. *Петухов С.В.* Генетические основы алгебраической биологии, гештальт генетика и тетра-эйдосы Ю.И. Кулакова. - Текст доклада на семинаре “Основания фундаментальной физики” от 04.03.2021, 112 слайдов. <https://drive.google.com/file/d/18G0vmhPw82s4BmdLHvNNiLNGhroYkPQ0/view>
11. *Петухов С.В.* Алгебраическая биология, гештальт-генетика, наследственный и искусственный интеллект. // *Биомашсистемы*, 2021 (в печати).
12. *Кулаков Ю.И.* Теория физических структур. – М., 2004, 847 с.
13. *Конопельченко Б.Г., Румер Ю.Б.* Классификация кодонов в генетическом

- коде. // ДАН СССР. – 1975. - т. 223. - №2. - С. 471-474.
14. *Petoukhov S.V.* The genetic coding system and unitary matrices. // *Preprints* 2018, 2018040131, 2018, doi:10.20944/preprints201804.0131.v2.
 15. *Petoukhov S.V.* Nucleotide Epi-Chains and New Nucleotide Probability Rules in Long DNA Sequences // *Preprints* 2019, 2019040011, from 10.05.2019, <https://www.preprints.org/manuscript/201904.0011/v2>.
 16. *Шредингер Э.* Что такое жизнь? М., Атомиздат, 1972. – 88 с.
 17. *Владимиров Ю.С.* Метафизика. (Второе издание). - М.: БИНОМ, 2009.
 18. *Владимиров Ю.С.* Реляционная картина мира. Книга 1: Реляционная концепция геометрии и классической физики. - М.: ЛЕНАНД, 2020.
 19. *Владимиров Ю.С.* Реляционная картина мира. Книга 2: От бинарной предгеометрии микромира к геометрии классического пространства-времени. - М.: ЛЕНАНД, 2021.
 20. *Капра Ф., Луизи П.Л.* Системный взгляд на жизнь: целостное представление. Перевод с английского А.А. Сидоровой-Бирюковой, В.В. Шуликовской; под редакцией В. В. Шуликовской. М., URSS, 2020. - 502 с.
 21. *Сидорова-Бирюкова А.А.* Древнеиндийская философия и современная физика: идейная когерентность // *Метафизика*. – 2019. - №3(33). - С. 82-107.
 22. *Щуцкий Ю.К.* Китайская классическая «Книга перемен». - М.: Восточная литература, 1997. – 606 с.
 23. *Вер Г.* Карл Густав Юнг. – Екатеринбург, Урал Лтд, 1998. - 210 с.
 24. *Налимов В.В.* Разбрасываю мысли. - М.: Центр гуманитар. инициатив, 2015.

GENETIC BASIS OF ALGEBRAIC BIOLOGY, GESTALT GENETICS
AND TETRA-EIDOSES BY Y. I. KULAKOV

S.V. Petoukhov

Mechanical Engineering Research Institute of RAS,
Moscow State Conservatory

The article is devoted to the universal algebraic rules of nucleotide sequences in the DNA of genomes of higher and lower organisms. The patterns identified by the author are related to the known binary nature of genetic structures and are expressed

in genomic gestalt phenomena, which are similar to genetically inherited phenomena of gestalt psychology. This allows the author to develop the ideas of gestalt genetics and algebraic biology. Many genetic phenomena of tetrastructurization evoke associations with Kulakov's concept of tetra-eidoses.

Key words: genomic rules, probabilities, binary oppositions, tetragroupings, matrix representations, tensor product, algebraic biology.

ДААННЫЕ ОБ АВТОРЕ:

Петухов Сергей Валентинович, д.ф.-м.н, лауреат Государственной премии СССР, Институт машиноведения им. А.А. Благонравова РАН, заведующий лабораторией исследований биомеханических систем. По совместительству главный научный сотрудник Московской государственной консерватории им. П.И. Чайковского по «Центру междисциплинарных исследований музыкального творчества».

Почтовый адрес ИМАШ РАН: 101990, Москва, Малый Харитоньевский переулок, 4. Телефон автора: 8915-092-8565, емэйл: spetoukhov@gmail.com .