

Эта статья опубликована в периодическом издании, регистрируемом в РИНЦ: «Симметрии: теоретический и методический аспекты», выпуск 21. Сборник научных трудов VI Международного научно-практического симпозиума. – Астрахань: Изд-во ООО «Триада», 2016. С. 79-87.

## СИММЕТРИИ ГЕНЕТИКИ, ФУНКЦИИ УОЛША И ГЕНО-ЛОГИЧЕСКИЙ КОД

**С.В. Петухов, Е.С. Петухова**

Институт машиноведения РАН, Россия, 101990, Москва, Малый Харитоньевский переулоч, 4. Е-мэйл: [spetoukhov@gmail.com](mailto:spetoukhov@gmail.com)

***Аннотация.** Изучение симметрий в молекулярно-генетической системе выявило ее структурную связь с диадическими группами бинарных чисел и функциями Уолша, давно используемыми в информатике дискретных сигналов, в том числе в логической голографии и спектральной логике систем булевых функций. На данной основе выдвигается доктрина гено-логического кодирования наследуемых процессов, изучаемых и моделируемых в генетической биомеханике.*

Эпохальное открытие генетического кода последовательностей аминокислот в белках выявило молекулярно-генетическую общность в многообразии видов живых организмов. Но знания наследуемых принципов кодированного строения последовательностей аминокислот недостаточно для понимания и объяснения огромного класса наследуемых процессов и принципов алгоритмического характера: врожденных моторных движений, врожденных принципов обработки сенсорной информации (включая психофизические законы Вебера-Фехнера), врожденных инстинктов и пространственных представлений, и пр.

Например, новорожденные черепашки и крокодилы, только что вылупившиеся из яйца, вполне координированными движениями ползут к воде без всякого обучения со стороны (данные наследуемые биомеханические феномены изучаются в генетической биомеханике). В этих наследуемых движениях множество мышечных волокон, нервных клеток и пр. действует согласованно подобно согласованной работе множества частей компьютера.

Компьютеры работают благодаря сетям двухпозиционных переключателей (триггеров), каждый из которых может находиться в одном из двух состояний: «да» или «нет». Но в физиологии давно известен триггеро-подобный закон «все или ничего» для составных элементов возбудимых тканей: нервная клетка или мышечное волокно дает ответы только двух видов – «да» или «нет» - при действии различных стимулов по аналогии с булевыми переменными. На стимулы подпороговой величины нервная клетка или мышечное волокно не дают никакого ответа. Надпороговые стимулы вызывают у них ответы максимально возможной амплитуды. (Целые мышцы, объединяющие в себе множество мышечных волокон, могут сокращаться на разную величину, поскольку при сильном стимуле увеличивается количество сокращающихся мышечных волокон. Нервная система также может учитывать силу стимула благодаря разному количеству возбуждаемых нервных клеток, а также изменению в частоте следования нервных импульсов фиксированной амплитуды).

Р.Пенроуз [2005] – в его мыслях о квантовом компьютере в организме – апеллировал к тубулиновым белкам, которые могут находиться в двух различных конфигурациях и могут переключаться между этими конфигурациями подобно триггерам для обеспечения биокомпьютерных функций. Эти и другие факты свидетельствуют в пользу того, что живой организм можно рассматривать как генетически наследуемый огромный комплекс сетей триггеров различных видов и различных биологических уровней, включая сети триггеров тубулиновых белков, мышечных волокон, нейронов и пр. По аналогии с компьютерными технологиями работа такого комплекса должна строиться на булевой алгебре логики и диадических группах бинарных чисел, которые связаны с полными ортогональными системами функций Уолша, являющихся математическими характеристиками этих групп [Fine, 1949].

С этой точки зрения биологическая эволюция предстает как процесс самоорганизации и саморазвития комплексов сетей биологических триггеров и соответствующих систем булевых функций для координированной работы этих сетей. Соответственно эволюционный принцип естественного отбора понимается, прежде всего, как естественный отбор генетически согласованных сетей триггеров вместе с надлежащими биологическими системами булевых функций. В свете этого естественно думать, что генетическая система, которая обеспечивает передачу таких логических сетей по цепи поколений, также сопряжена с принципами булевой алгебры логики, диадическими группами бинарных чисел и связанными с ними функциями Уолша.

В наших предыдущих публикациях и докладах на международных форумах приведены результаты исследований, подтверждающие это; они исходно получены в ходе анализа симметрий в организации молекулярно-генетической системы [Петухов, 2008; Petoukhov, 2016a,b]. Напомним некоторые математические данные к этим исследованиям.

Диадическая группа  $n$ -разрядных бинарных чисел содержит  $2^n$  членов. Например, диадическая группа 3-разрядных бинарных чисел содержит  $2^3$  членов: 000, 001, 010, 011, 100, 101, 110, 111. Групповой операцией для этих диадических групп является логическое сложение по модулю 2, которое осуществляет поразрядное сложение двоичных чисел одинаковой разрядности по следующим правилам:  $0 \oplus 0 = 0$ ,  $0 \oplus 1 = 1$ ,  $1 \oplus 0 = 1$ ,  $1 \oplus 1 = 0$ . Например, сложение по модулю 2 двух бинарных чисел 110 и 101, которые равны числам 6 и 5 в десятичной системе, дает  $110 \oplus 101 = 011$ , что равно числу 3 в десятичной системе. Сложение по модулю 2 любых двух чисел из диадической группы всегда дает бинарное число из той же группы. Бинарное число с нулем во всех  $n$ -разрядах служит единичным элементом диадической группы. Обратным элементом для любого члена диадической группы является само это число. Метрика в этих симметричных группах бинарных чисел определяется на основе расстояния Хэмминга. Диадические группы бинарных чисел связаны с полными ортогональными системами функций Уолша [Fine, 1946]. Полная ортогональная система функций Уолша в случае  $2^n$ -мерного пространства содержит  $2^n$  функций Уолша, каждая из которых состоит из  $2^n$  компонент со значениями +1 или -1. Функции Уолша являются строками  $(2^n \times 2^n)$ -матриц Адамара  $H_k$ , которые по определению удовлетворяют условию  $H_k \cdot H_k^T = k \cdot E$ , где  $k=2^n$  – порядок матрицы,  $E$  – единичная матрица, символ  $T$  означает транспонирование. Матрицы Адамара  $H^{(n)}$  состоят только из компонент +1 и -1. Перестановки столбцов и строк в матрице Адамара порождают новую матрицу Адамара. Возведение матрицы Адамара в кронекеровскую степень дает новую матрицу Адамара. Пример кронекеровского семейства матриц Адамара показан на Рис. 1, где черные клетки в матрицах соответствуют компонентам +1.

$$H = \begin{bmatrix} 1 & 1 \\ 1 & -1 \end{bmatrix}; \quad H^{(2)} = \begin{bmatrix} 1 & 1 & 1 & 1 \\ 1 & -1 & 1 & -1 \\ 1 & 1 & -1 & -1 \\ 1 & -1 & -1 & 1 \end{bmatrix}; \quad H^{(n)} = \begin{bmatrix} H^{(n-1)} & H^{(n-1)} \\ H^{(n-1)} & H^{(n-1)} \end{bmatrix}$$

**Рис. 1. Семейство матриц Адамара  $H^{(n)}$ ,  $(n)$  – кронекеровская степень.**

Перейдем к фактам связи молекулярно-генетической системы с этими математическими структурами. Генетические молекулы ДНК и РНК тесно связаны с бинарными числами и их диадическими группами. Базисный алфавит ДНК состоит из 4 полиатомных конструкций – аденина А, цитозина С, гуанина G, тимина Т (в РНК заменен урацилом U). Набор этих очень простых четырех конструкций (“букв” базового алфавита), которые на нитях двойной спирали ДНК разделены на комплементарные пары А-Т, С-G, не разнороден, а является носителем трех пар бинарно-оппозиционных признаков: “пурин или пиримидин”, “амино или кето”, “3 или 2 водородных связи в комплементарном соединении”. С учетом этих оппозиционных признаков четырехбуквенный алфавит ДНК (и РНК) разбивается на три вида бинарных субалфавитов, члены каждого из которых можно символизировать числами 0 и 1. Соответственно генетическая последовательность букв на нитях ДНК и РНК оказывается связкой параллельно существующих текстов на трех разных бинарно-числовых языках (см. детали в [Петухов, 2008]).

Другой аспект связи с бинарными числами и их диадическими группами заключается в следующем. Количество членов в диадической группе  $2n$ -разрядных бинарных чисел равно  $2^{2n}$ , но именно из такого количества членов состоят алфавиты  $n$ -плетов системы генетического кодирования (моноплетов, дуплетов, триплетов и т.д.):

- $2^2 = 4$  члена в алфавите моноплетов (азотистых оснований А, С, G, Т);
- $2^4 = 16$  членов в алфавите дуплетов (АА, АС, АG, ....);
- $2^6 = 64$  члена в алфавите триплетов (ААА, ААС, АСА, . . . ); ... и т.д.

Третий аспект названной связи касается структурного родства молекулярно-генетической системы с функциями Уолша и матрицами Адамара (см. детали этого в [Петухов, 2008]). Эта связь выявляется двояким образом при представлении алфавита азотистых оснований ДНК и РНК в виде  $(2*2)$ -матрицы, например, [С, Т; А, G], вторая и третья кронекеровская степени которой дают  $(4*4)$ - и  $(8*8)$ -матрицы алфавитов 16 дуплетов и 64 триплетов [С, Т; А, G]<sup>(2)</sup> и [С, Т; А, G]<sup>(3)</sup> [Петухов, 2008]. Во-первых, если учитывать известный феномен равного деления множества 16 дуплетов на 8 сильных и 8 слабых дуплетов, а множества 64 триплетов на 32 триплета с сильными корнями и 32 триплета со слабыми корнями, то симметрическое чередование этих сильных и слабых элементов в строках алфавитных матриц [С, Т; А, G]<sup>(2)</sup> и [С, Т; А, G]<sup>(3)</sup> совпадает с чередованием элементов +1 и -1 в функциях Уолша (или функциях Радемахера, которые являются частным случаем функций Уолша). Во-вторых, связь с

функциями Уолша и матрицами Адамара проявляется при учете феномена особого статуса в ДНК тимина Т, противопоставленного природой трем другим буквам А, С, G алфавита ДНК: 1) только тимин Т заменяется другой буквой U (урацил) при переходе от ДНК к РНК; 2) только тимин Т лишен функционально важной аминогруппы NH<sub>2</sub>. Эту бинарную оппозицию можно выразить в цифровом виде так: A=C=G=+1, T=-1. Тогда каждый дуплет и каждый триплет при замене в нем букв на эти числа можно представлять как произведение этих чисел. Например, триплет САТ представляется как  $1*1*(-1)=-1$ , а триплет TGT – как  $(-1)*1*(-1)=+1$ . В итоге названные генетические матрицы дуплетов и триплетов [С, Т; А, G]<sup>(2)</sup> и [С, Т; А, G]<sup>(3)</sup> оказываются матрицами Адамара, строки которых являются функциями Уолша.

В теории обработки цифровых сигналов функции Уолша и диадические группы служат базисом двух дисциплин: 1) логической голографии; 2) спектральной логики систем булевых функций. Математика этих дисциплин используется в нашей доктрине гено-логического кода, разрабатываемой для моделирования и осмысления наследуемых алгоритмов и процессов в живых телах [Petoukhov, 2016a,b; Petoukhov, Petukhova, 2017]. Эта математика оперирует с многомерными диадическими пространствами, решетчатыми функциями, логическим сложением по модулю 2, диадическими свертками, диадными производными Гиббса, и пр. Как обычно для математического естествознания, новая математика порождает новые эвристические ассоциации и подходы к пониманию явлений. Отметим некоторые из них.

Живые организмы обладают квази-голографическими свойствами, которые были описаны многими авторами. Например, эмбриолог Г.Дриш показал в 1921 году в экспериментах с яйцами морского ежа, что вполне нормальная личинка может образоваться из одной эмбриональной клетки, содержащей не более 1/2 или даже 1/4 материала всего яйца (о driшевских регуляциях см. [Белоусов, 1981]). Подобные свойства существуют в голограммах, где части голограммы достаточно для восстановления всего голографического изображения материального объекта. Квази-голографические свойства мозга, включая ассоциативную память, физиологические процессы зрительного восприятия и пр. неоднократно описывались многими авторами (см., например, [Прибрам, 1975]).

Физическая голография базируется на двух когерентных физических волнах. Но физические волны могут моделироваться цифровым образом на компьютерах (“цифровая голография”). Статья “Голография на волнах Уолша” [Morita, Sakurai, 1973] об электрических сетях с логическими операциями в них явилась пионерской работой,

за которой последовали публикации других авторов о логической голографии на основе волн Уолша (или функций Уолша), распространяющихся по электрическим сетям с логическими операциями в них [Сороко, 1974, и др. ]. В этой логической Уолш-голографии объекты, логические голограммы которых должны быть созданы, представляются в форме  $2^n$ -мерных векторов. Каждый компонент такого вектора соответствует одному из  $2^n$  входных каналов электрической схемы; аналогичное справедливо для  $2^n$  выходных каналов этой схемы, которые соотносятся к компонентам результирующего вектора. Логическая голография ведет к новым моделям в генетике.

Например, классическая голография используется в технологии производства множества копий плоских форм [Уиньон, 1980]. Для этого используется специальная голографическая операция, аналог которой в математике называется «сверткой двух функций». Например, если образ треугольника свертывается с образом трех точек, то в результате возникают образы трех треугольников. В логической голографии подобные репродукции могут делаться с помощью диадической свертки двух  $2^n$ -мерных векторов для моделирования, например, случаев различных повторов в генетических секвенциях. Другим примером приложений математики логической голографии в генетике может служить модель процесса типа застежки-молнии репродуцирования нитей ДНК (оба примера описаны в [Petoukhov, 2016b, Appendix C]).

Названная выше спектральная логика систем булевых функций, использующая функции Уолша, позволяет анализировать и синтезировать цифровые устройства с богатыми возможностями искусственного интеллекта: обнаружения и исправления ошибок, адаптации к внешнему окружению, обучения в процессе работы, взаимодействия с другими цифровыми устройствами, и пр. Математика этой спектральной логики (см., например, [Karpovsky, Stankovic, Astola]) используется в теории гено-логического кода [Petoukhov, 2016b, Appendix D].

Важность диадических групп бинарных чисел для природы была декларирована еще в древнекитайской «Книге перемен» [Петухов, 2008, Приложение 3; Щуцкий, ]. Она написана несколько тысяч лет назад и посвящена системе символов Инь-Ян (эквиваленты 0 и 1). Эта система включает диадические группы данных символов - 4 диграмм, 8 триграмм и 64 гексаграмм -, которые утверждались в качестве фундаментальных архетипов природы. Древние китайцы ничего не знали о генетическом коде аминокислотных последовательностей, но он оказался организован в соответствии с этой системой архетипов. Г. Лейбниц, который считал себя создателем бинарных чисел, был поражен, узнав из знакомства с «Книгой перемен», что китайцы

знали их за несколько тысяч лет до него. Квадратные древнекитайские таблицы (матрицы) 4 диграмм и 64 гексаграмм (в порядке Фу-Си) трансформируются в матрицы Адамара с функциями Уолша в их строках, если любую из четырех диграмм противопоставить трем остальным, обозначив ее как “-1”, а остальные три – как “+1”; при этом каждая гексаграмма трактуется как произведение трех составляющих ее диграмм, составленных - по китайскому принципу “соответствия позиций в гексаграмме” - из линий на ее соответственных позициях 1-4, 2-5, 3-6.

Спектральная логика систем булевых функций дает новые подходы к анализу морфогенетических законов филлотаксиса, связанных с рекуррентным рядом чисел Фибоначчи и наблюдающихся на самых разных уровнях и ветвях биологической эволюции. В этом новом подходе возникают рекуррентные ряды “векторов Фибоначчи” с компонентами из чисел Фибоначчи [Petoukhov, 2016b; Petoukhov, Petukhova, 2016] и появляются свидетельства в пользу того, что гено-логическое кодирование является причиной феноменов филлотаксиса.

Попутно отметим, что Дж. Буль создал свою математику логики для описания законов мышления: его книга 1854 года называлась «Исследование законов мышления». Представляемая доктрина гено-логического кода свидетельствует, что наше генетически наследуемое тело создается на базе тех же законов логики, что и наши мысли (единство законов мысли и материального тела). Это дает новый материал для дискуссии по старой проблеме: что первично – мысль или материя?

Э. Шредингер (1944) писал: « Все известное нам о структуре живой материи заставляет ожидать, что деятельность живого организма нельзя свести к появлению обычных законов физики ... потому, что его структура отличается от всего изученного нами до сих пор в физической лаборатории». Здесь можно напомнить, например, что биологические энзимы (ферменты) в организме в миллионы раз эффективнее, чем лабораторные виды катализа, известные сегодня. Энзимы могут ускорять химические реакции в  $10^{10}$ - $10^{14}$  раз [Варфоломеев, 2005]. То, что энзим может сделать за 1 секунду, обычный катализатор может сделать за 200 тысяч лет. Мы полагаем, что такая эффективность энзимов в живых телах определяется не только законами физики, но также алгебро-логическими алгоритмами гено-логического кодирования и, следовательно, - в согласии с утверждением Шредингера – эта эффективность не может быть сведена к обычным законам физики.

По нашему мнению, на вопрос о том, что такое жизнь с точки зрения алгебраической биологии, возможен такой ответ: жизнь есть реализация

алгебраических возможностей спектральной логики генетических систем булевых функций и логической голографии.

### **Литература.**

**Белоусов Л.В.** (1987). Биологический морфогенез. – М., МГУ, 1987.

**Варфоломеев С.Д.** (2005). Химическая энзимология. М., Академия.

**Пенроуз Р.** (2005). Тени разума. – М., Регулярная и хаотическая динамика.

**Петухов С.В.** (2008). Матричная генетика, алгебры генетического кода, помехоустойчивость. –М., РХД, <http://petoukhov.com/matrix-genetics-petoukhov-2008.pdf>

**Прибрам К.** (1975). Языки мозга. - М., Прогресс, 1975.

**Сороко Л.М.** (1974). "Опыт" Юнга-Уолша и логическая голография. - Материалы шестой Всесоюзной школы по голографии" (11-17.02.1974, Ереван), Л., ЛИЯФ, <http://bsfp.media-security.ru/school6/5.htm>.

**Уиньон М.** (1980). Знакомство с голографией. - М., Мир.

**Шредингер Э.** (1972). Что такое жизнь? С точки зрения физики. - М, Атомиздат, 1972.

**Щуцкий, Ю.К.** (1997). Китайская классическая «Книга перемен». - М., Восточная литература.

**Fine, N.J.** (1949). On the Walsh functions. - Transactions of the American Society, 3, 372–414.

**Karovsky M.G., Stankovic R.S., Astola J.T.** (2008). Spectral Logic and its Applications for the Design of Digital Devices. - New Jersey: John Wiley & Sons, Inc., 598 p.

**Morita Y., Sakurai Y.** (1973). Holography by Walsh Waves. – Proceedings of the Symposium (4th) Held at the Catholic University of America, Washington, D. C. on 16-18 April, 1973, pp. 122-126.

**Petoukhov S.V.** (2016a). The system-resonance approach in modeling genetic structures. – Biosystems, January 2016, v. 139, p.1-11, [http://petoukhov.com/PETOUKHOV\\_ARTICLE\\_IN\\_BIOSYSTEMS.pdf](http://petoukhov.com/PETOUKHOV_ARTICLE_IN_BIOSYSTEMS.pdf).

**Petoukhov S.V.** (2016b). The genetic code, 8-dimensional hypercomplex numbers and dyadic shifts. – <http://arxiv.org/abs/1102.3596>, 11th version of the article from 15 July 2016, 108 p.

**Petoukhov S.V., Petukhova E.S.** (2017). Resonances, Walsh functions and logical holography in genetics and musicology. - Symmetry: Culture and Science, 2017, v.28,



№1, p. 21-40 (в печати).

## **SYMMETRIES OF GENETICS, WALSH FUNCTIONS AND THE GENO-LOGIC CODE**

S.V.Petoukhov, E.S. Petukhova

Mechanical Engineering Research Institute, Russian Academy of Sciences,  
101990, Moscow, Malyi Kharitonievskiy pereulok, 4. Email: [spetoukhov@gmail.com](mailto:spetoukhov@gmail.com)

### **Summary.**

The study of symmetries in molecular genetic system has revealed its structural relationship with dyadic groups of binary numbers and with Walsh functions used in processing of digital signals, including the logic holography and the spectral logic of systems of Boolean functions. On this basis, the doctrine of the geno-logic coding of inherited processes, which are studied and simulated in genetic biomechanics.