

## Качество жизни, биоинформатика и матричная генетика

Д. ф.-м.н.С.В.Петухов (ИМАШ РАН)  
[petoukhov@hotmail.com](mailto:petoukhov@hotmail.com)

Основатель отдела биомеханики систем человек-машина Института машиноведения РАН академик К.В.Фролов поставил задачу исследования структурных основ организма человека для использования полученных знаний в биоинженерных, медико-технических, нанотехнологических и эргономических системах. Он указывал: «Достижения молекулярной генетики и биотехнологий несут в нашу жизнь существенные и порой неожиданные изменения. Генная инженерия и смежные с ней области обеспечивают не только немислимые прежде диагностические и лечебные возможности медицины, но и задачи клонирования организмов, продления жизни, невиданных сельскохозяйственных урожаев и уровней производительности микробиологической промышленности, и т.п. Для особо близкой нам в Институте машиноведения РАН технической проблематики это влияние скажется, например, на появлении новых материалов с удивительными свойствами, а также новых подходов к решению проблем нанотехнологий и робототехники, изготовления деталей машин, эргономики и пр... Особое значение имеет познание принципов помехоустойчивости генетического кода в связи проблемой обеспечения помехоустойчивости информационных систем контроля и управления машин и систем человек-машина для снижения риска аварий и техногенных катастроф. Данный перечень можно долго продолжать. Но в целом ясно, что без глубоких знаний о живом веществе конструктору машин и человеко-машинных комплексов будущего уже нельзя обойтись» (из предисловия К.В.Фролова к книге [Петухов, 2008]).

Многие науки обращаются к биологии в связи с антропоморфными лозунгами «человек – мера всех вещей» и «человек – это космос» в надежде найти опору для решения своих собственных проблем и осмысления получаемых собственных результатов. Их представители зачастую разделяют точку зрения Тейяра де Шардена, который полагал следующее. Узнать, как образовался мир и какова его дальнейшая судьба, можно, лишь «расшифровав» человека; в силу этих причин будущая синтетическая наука возьмет за основу человека; это будет новая эра в науке, в которой произойдет полное понимание, что человек как «предмет познания» - «это ключ ко всей науке о природе», в том числе к проблемам повышения качества жизни.

Но в самой биологии на сегодня с физико-математической точки зрения весьма мало вещей, хорошо формализуемых и имеющих уровень общебиологической значимости. Генетический код в этом смысле занимает совершенно особое место. Его молекулярно-биологические основы в значительной мере уже исследованы, формализованы и являются едиными для всего живого. Молекулярная генетика имеет удивительные практические успехи. Она породила много новых научных направлений, например, инженерную генетику, медицинскую генетику, компьютерную генетику и пр. Структурные особенности генетического кода представляют собой результат гигантского эксперимента природы по созданию самоорганизующихся и самовоспроизводящихся систем. Перед наукой стоит проблема познания системной организации молекулярных генетических ансамблей с их уникальными свойствами помехоустойчивости и репродуктивности. Сегодня последовательность азотистых оснований ДНК признается главным источником биологической информации. Поэтому во многих науках и искусствах – языкознании, музыке, психологии и пр. – предпринимаются попытки установить связь с генетическим кодом, взять его особенности за основу классификации и осмысления в своей области. Стремительное развитие технологии считывания последовательностей ДНК сделало его рутинным делом для современных лабораторий. Созданы и быстро наполняются новыми

и новыми материалами огромные банки данных по последовательностям ДНК, в том числе в геноме человека. На основе этих данных проводится сравнительный анализ самых различных живых организмов на предмет установления их эволюционного родства, выявления причин генетических заболеваний и разработки методов их лечения, клонирования организмов, создания организмов с новыми свойствами и пр.

Но вот как оценивают сами специалисты по молекулярной и компьютерной генетике, сотрудники мирового банка генетических данных GenBank текущую ситуацию с последовательностями нуклеотидов в ДНК. «Что дают нам миллионы нуклеотидов в последовательностях, известных на сегодняшний день? Мы находимся в положении Иоганна Кеплера, впервые приступающего к поиску закономерностей среди тех томов данных, которые всю жизнь собирал Тихо Браге. Мы знаем программу, запускающую клеточную механику, но мы почти ничего не знаем о том, как ее «прочитать». Биологи-практики, экспериментируя и тщательно сопоставляя данные, обнаружили некоторые функционально значимые участки. Теоретики, рассуждая и изучая базы данных, нашли другие, но мы все еще понимаем удручающе мало» [Уотермен, 1999, с. 14]. Представляемые в данном докладе исследования нацелены как раз на решение задачи лучшего понимания системы генетического кодирования за счет поиска познавательных форм представления данной природной системы, а также адекватных математических средств ее анализа.

История науки свидетельствует об особой важности поиска познавательных (когнитивных) форм представления феноменологических данных, то есть свернутых и удобных для анализа форм представления бесчисленных единиц информации о природе. Все развитие математического естествознания базируется во многом на нахождении таких форм. Классическим примером служит упомянутая работа Кеплера, который, не проводя собственных астрономических наблюдений, сумел найти особую форму представления трудно обозримого множества астрономических данных о движении планет из грессбухов Тихо Браге. Эта открытая им познавательная форма, связанная с обобщающей идеей движения по эллипсам, позволила ему сформулировать законы движения планет относительно Солнца, вошедшие в историю под именем законов Кеплера. Во многом благодаря открытию этой когнитивной формы уже другой человек – Ньютон – сформулировал много лет спустя закон всемирного тяготения.

Автором развивается результирующая когнитивная форма представления данных о системе генетического кодирования. Эта форма основана на кронекеровских семействах математических квадратных матриц генетического алфавита и генетических мультиплетов. Она возникает естественным образом при попытках осмыслить феномен высокой помехоустойчивости генетической информации с позиций теории обеспечения помехоустойчивости в технике цифровой связи и передачи дискретных сигналов. Эта теория активно использует подобные кронекеровские семейства квадратных матриц, математику которых оказывается возможным заимствовать в область молекулярной генетики с ощутимой пользой. Данное заимствование из теории дискретных сигналов дополнительно оправдано дискретным характером генетического кода. Эта когнитивная форма представления уже привела к обнаружению новых феноменологических правил и инвариантов эволюции генетического кода; выявлению скрытых связей генетического кода с особыми 8-мерными алгебрами и 8-мерными числовыми системами, новыми для математического естествознания; обнаружению связей физико-химических параметров системы с золотым сечением; установлению аналогий с пифагорейским музыкальным строем, матрицами Адамара и формализмами квантовой механики, и др. Результаты, получаемые в данном направлении, существенны также в связи с актуальной задачей

создания компьютеров на молекулах ДНК и понимания генетической системы как квантового компьютера.

При анализе генетических матриц (кратко, геноматриц), составленных из молекулярных элементов генетического кода, особое внимание уделяется выявлению отношений симметрии между теми матричными группировками данных элементов, которые отличаются теми или иными значимыми признаками. Исследование симметрий природных систем является одним из наиболее эффективных методов познания природы. Благодаря многим поколениям ученых современная наука знает, что углубленное знание о феноменологических отношениях симметрии между отдельными частями сложной природной системы может рассказать много важных вещей об эволюции и механизмах данной системы. Недаром принципы симметрии признаны одной из основ современного математического естествознания. Исследование отношений симметрии особенно необходимо в тех случаях, когда наука не видит путей создания теории конкретной природной системы. Живые организмы принадлежат к категории сложных природных систем. Принципы симметрии давно и успешно применяются к их изучению, в том числе в области молекулярной генетики (симметрии двойной спирали ДНК и пр.).

В.И.Вернадский выдвинул гипотезу о том, что живое вещество живет в пространстве с неевклидовой геометрией. Многие другие исследователи также полагали, что живое вещество по своим специфическим формам упорядоченности подчинено некоторой особой математике, без познания которой нельзя рассчитывать на глубокое понимание процессов в биологических организмах. Но как подойти к поиску такой неевклидовой геометрии, коль скоро виды организмов столь сильно различаются по своему строению? Например, что общего между бактерией, птицей и дубом?

Полвека назад наукой было открыто, что все виды организмов имеют одинаковые молекулярные основы генетического кодирования. Появилась надежда, что, познав природу этих основ генетического кода, можно построить его адекватную математическую модель и многое понять в феноменах наследуемой самоорганизации и саморазвития биологических систем. Существенно, что все физиологические подсистемы организма, включая сенсорные, моторные и прочие, структурно согласованы с системой генетического кодирования для их эволюционного выживания посредством их генетической передачи потомкам.

Генетический код построен на дискретных элементах: четырех буквах генетического алфавита (азотистых основаниях), 64 триплетях, 20 аминокислотах. Общая теория дискретных сигналов широко использует кодирование таких сигналов с помощью матриц и спектрального представления с целью обеспечения помехоустойчивости и эффективности передачи дискретной информации. Примером является семейство матриц Адамара, построенное на матрице  $(2 \times 2)$  в кронекеровской степени:  $H_k = [1 \ 1; -1 \ 1]^{(k)}$ , где  $(k)$  означает возведение матрицы в кронекеровскую степень. Строки этих матриц образуют ортогональную базисную систему функций Адамара-Уолша, применяемую в ТДС для спектрального представления и передачи дискретных сигналов. По очевидной аналогии автор исследует семейство геноматриц, базирующееся на  $(2 \times 2)$ -матрице  $P$  в кронекеровской степени:  $P^{(k)} = [C \ A; T \ G]^{(k)}$ , где  $C, A, G, T$  – буквы генетического алфавита в ДНК (цитозин, аденин, гуанин, тимин).

Система генетического кодирования построена на принципе мультиплетов и степенях числа 4. Действительно,  $4^1$  моноплета образуют генетический алфавит  $A, C, G, T/U$ ;  $4^3$  триплета кодируют 20 аминокислот;  $4^k$  к-плета кодируют последовательность аминокислот во всех белках при больших  $K$ . Используемое автором семейство геноматриц

$P^{(K)}$  представляет все варианты мультиплетов в упорядоченной и взаимосвязанной форме с естественной нумерацией каждого мультиплета на основе природных отношений симметрии между молекулами букв генетического алфавита [Петухов, 2008].

Например, в октетной геноматрице 64 триплетов каждый триплет имеет индивидуальный номер, состоящий из объединения бинарных номеров его строки и столбца (например, триплет CAU имеет бинарный номер 110101, равный 53 в десятичной системе счисления). Эта геноматрица отражает реальные взаимосвязи элементов в системе генетического кода. Например, каждая пара кодон-антикодон ДНК (и только такая пара) имеет сумму их номеров равную 63. Соответствующая геноматрица бинарных номеров этих 64 триплетов совпадает со знаменитой матрицей 64 гексаграмм в порядке Фу-си из древнекитайской «Книги перемен», написанной несколько тысяч лет назад. Эта матрица в свое время поразила изобретателя компьютера Г.Лейбница, считавшего себя создателем двоичной системы счисления и вдруг обнаружившего древнекитайских предшественников по данной системе. Древние китайцы почему-то считали таблицу 64 гексаграмм всеобщим природным архетипом. Они ничего не знали о генетическом коде живой природы, но он оказался структурированным в соответствии с этим их представлением о всеобщем природном архетипе.

Благодаря описанной возможности естественной нумерации генетических мультиплетов вся система генов переводится на язык геометрии в пространствах сообщений из ТДС. Напрашивается декартово представление каждого гена как такой точки в двумерной декартовой системе, координаты которой равны числу нуклеотидов в гене и его натуральному номеру в соответствующей матрице  $P^{(K)}$ , объединяющей все мультиплеты данной длины. В организме человека порядка 40000 генов, совокупность которых дает в этом декартовом представлении 40000 точек. Хаотично ли это облако точек или оно образует некоторую закономерную фигуру или знакомый символ? Это один из многих новых вопросов, подлежащих исследованию с использованием предлагаемых автором новых математических средств анализа генетического кода, например, адамаровых спектров векторов-генов и генетических проекционных операторов.

**Геноматрицы Адамара.** Учет некоторых из существенных параметров генетических молекул ведет к геноматрицам Адамара. Речь идет, прежде всего, о трансформации базовой геноматрицы  $P = [C A; T G]$  в матрицу Адамара  $[1 1; -1 1]$  при учете важного отличия буквы Т (или U в РНК) от остальных трех букв: молекулы последних наделены функционально важной аминогруппой  $NH_2$ , а буква Т/U лишена ее. Кроме того, только буква Т заменяется на другую букву U при переходе от ДНК к РНК. Соответственно обозначение букв С, А, G через «+1», а буквы Т/U – через «-1» обращает базовую матрицу P в матрицу Адамара. При этом все матрицы семейства  $P^{(K)}$  становятся матрицами Адамара.

Но структуры генетического кода оказываются связанными с матрицами Адамара не только через матрицы мультиплетов, но также через вырожденность генетического кода, точнее через расположение 20 аминокислот по матричным ячейкам 64 триплетов, кодирующих их [Петухов, 2008]. Эти результаты интересны в связи с выигрышными свойствами матриц Адамара, которые используются в теории обработки информации; спектральном анализе и кодировании информации с помощью ортогональных функций Адамара, Уолша, например, в многоканальных спектрометрах Адамара; квантовых компьютерах (унитарные операторы Адамара), и пр. Естественная возможность представления геноматриц в виде матриц Адамара открывает возможность переноса в область генетики результативных идей из других областей применения данных матриц.

По определению матрица Адамара – это квадратная матрица  $H_n = \|h_{ij}\|$  порядка  $n$ , элементы  $h_{ij}$  которой суть  $+1$  или  $-1$  и для которой  $H^*H^- = n \cdot I_n$ , где  $H^-$  – транспонированная матрица  $H$ , а  $I_n$  – единичная матрица порядка  $n$ . Любые две строки матрицы Адамара ортогональны; если каждую строку интерпретировать как вектор, то скалярное произведение любых двух вектор-строк равняется 0. Кронекерово произведение двух любых матриц Адамара снова является матрицей Адамара. Если имеется вектор  $\bar{a}$ , то его преобразование Адамара дает вектор  $\bar{u} = H^*\bar{a}$ , называемый спектром Адамара. При этом число перемен знаков в соответствующем столбце рассматривается как аналог частоты («частость»). Имеется большая аналогия между преобразованиями Адамара и преобразованиями Фурье.

Адамаровы спектры векторов играют важную роль в цифровой связи и теории кодирования. Автор полагает, что не меньшую роль они сыграют в биоинформатике в связи с их сопряжением со структурами генетического кода. Проводимое автором исследование геноматриц обнаруживает, что, образно говоря, живое вещество населено адамаровыми геноматрицами и связанными с ними ортогональными системами генофункций. Поэтому, в частности, спектральный анализ генетических секвенций целесообразно осуществлять по Адамару и Уолшу, т.е. на базе ортогональных систем функций этих матриц, а не по Фурье и пр.

### **Имеет ли генетическая система свою собственную алгебру?**

Почему вообще важно исследовать алгебраические основы природных систем? В начале 19-го века бытовало убеждение о существовании единственно истинной арифметики и единственно истинной геометрии. Но после открытия кватернионов Гамильтона наука была вынуждена отказаться от прежнего убеждения в существовании единственной истинной арифметики (алгебры) для всего мироздания. Она признала, что разные природные системы могут иметь не только свои собственные геометрии (евклидову или неевклидову), но и свои собственные алгебры. И от того, какой именно алгебре соответствует та или иная природная система, могут зависеть многие свойства этой системы, включая ее геометрию, физические законы сохранения, теорию колебаний, волн и полей в ней, и пр. Поэтому обнаружение того, с каким именно типом алгебр связана система генетического кода, представляется принципиально важным для понимания живого вещества, процессов и полей в нем.

Обладает ли живое вещество своей собственной алгеброй? Оказывается, что, по крайней мере, система генетического кодирования, молекулярные основы которой едины для всех живых организмов, обладает своей особой 8-мерной алгеброй. Уже в структуре этой алгебры заложена бинарная оппозиция типа «мужское-женское», которая коррелирует с феноменами мужского и женского начал на разных уровнях биологической организации. Сама феноменологическая структура генетического кода выводит на эту октавную инь-ян-алгебру над полем и соответствующую ей систему «сдвоенных гиперкомплексных» чисел, ранее не известных в математическом естествознании. Матричные представления членов этой алгебры (Рис. 1) связаны простым алгоритмом с матрицами Адамара, играющими видную роль в квантовой механике и квантовых компьютерах (подробности см. в книге [Петухов, 2008]). Тем самым, эта генетическая алгебра сопряжена с унитарными преобразованиями квантовой механики и гейтами Адамара квантовых компьютеров. Особенно важно, что эта алгебра «работает»: уже на первых порах исследования генетического кода на основе данной инь-ян-алгебры обнаружено 8 феноменологических правил его эволюции.

$$B_8 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline x_0 & x_1 & -x_2 & -x_3 & x_4 & x_5 & -x_6 & -x_7 \\ \hline x_0 & x_1 & -x_2 & -x_3 & x_4 & x_5 & -x_6 & -x_7 \\ \hline x_2 & x_3 & x_0 & x_1 & -x_6 & -x_7 & -x_4 & -x_5 \\ \hline x_2 & x_3 & x_0 & x_1 & -x_6 & -x_7 & -x_4 & -x_5 \\ \hline x_4 & x_5 & -x_6 & -x_7 & x_0 & x_1 & -x_2 & -x_3 \\ \hline x_4 & x_5 & -x_6 & -x_7 & x_0 & x_1 & -x_2 & -x_3 \\ \hline -x_6 & -x_7 & -x_4 & -x_5 & x_2 & x_3 & x_0 & x_1 \\ \hline -x_6 & -x_7 & -x_4 & -x_5 & x_2 & x_3 & x_0 & x_1 \\ \hline \end{array}$$

Рис. 1. Матричная форма представления членов 8-мерной алгебры генетического кода.

Эта матрица  $B_8$  может быть записана в следующем виде на основе ее разложения по базисным матрицам, показанным на Рис. 2:

$$B_8 = x_0 * f_0 + x_1 * m_1 + x_2 * f_2 + x_3 * m_3 + x_4 * m_4 + x_5 * m_5 + x_6 * f_6 + x_7 * m_7 .$$

$$\begin{array}{l}
 \mathbf{B} \mathbf{B}_8 = x_0 * \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ \hline 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ \hline \end{array} \\
 + x_1 * \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ \hline 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ \hline 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ \hline 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \\ \hline 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \\ \hline \end{array} \\
 + x_2 * \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 0 & 0 & -1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 0 & 0 & -1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & -1 & 0 \\ \hline 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & -1 & 0 \\ \hline 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ \hline \end{array} \\
 + x_3 * \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 0 & 0 & 0 & -1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 0 & 0 & 0 & -1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & -1 \\ \hline 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & -1 \\ \hline 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ \hline 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ \hline \end{array} \\
 + x_4 * \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & -1 & 0 \\ \hline 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & -1 & 0 \\ \hline 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 0 & 0 & -1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 0 & 0 & -1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \hline \end{array} \\
 + x_5 * \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ \hline 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ \hline 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & -1 \\ \hline 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & -1 \\ \hline 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 0 & 0 & 0 & -1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 0 & 0 & 0 & -1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \hline \end{array} \\
 + x_6 * \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & -1 & 0 \\ \hline 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & -1 & 0 \\ \hline 0 & 0 & 0 & 0 & -1 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 0 & 0 & 0 & 0 & -1 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 0 & 0 & -1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 0 & 0 & -1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \hline -1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \hline -1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \hline \end{array} \\
 + x_7 * \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & -1 \\ \hline 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & -1 \\ \hline 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & -1 & 0 & 0 \\ \hline 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & -1 & 0 & 0 \\ \hline 0 & 0 & 0 & -1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 0 & 0 & 0 & -1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 0 & -1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 0 & -1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \hline \end{array}
 \end{array}$$

Рис. 2. Разложение матрицы  $B_8$  по восьми базисным матрицам  $f_0, m_1, f_2, m_3, f_4, m_5, f_6, m_7$ , каждая из которых в качестве показанного коэффициента имеет одну из восьми координат  $x_0, x_1, \dots, x_7$ .

	$f_0$	$m_1$	$f_2$	$m_3$	$f_4$	$m_5$	$f_6$	$m_7$
$f_0$	$f_0$	$m_1$	$f_2$	$m_3$	$f_4$	$m_5$	$f_6$	$m_7$
$m_1$	$f_0$	$m_1$	$f_2$	$m_3$	$f_4$	$m_5$	$f_6$	$m_7$
$f_2$	$f_2$	$m_3$	$-f_0$	$-m_1$	$-f_6$	$-m_7$	$f_4$	$m_5$
$m_3$	$f_2$	$m_3$	$-f_0$	$-m_1$	$-f_6$	$-m_7$	$f_4$	$m_5$
$f_4$	$f_4$	$m_5$	$f_6$	$m_7$	$f_0$	$m_1$	$f_2$	$m_3$
$m_5$	$f_4$	$m_5$	$f_6$	$m_7$	$f_0$	$m_1$	$f_2$	$m_3$
$f_6$	$f_6$	$m_7$	$-f_4$	$-m_5$	$-f_2$	$-m_3$	$f_0$	$m_1$
$m_7$	$f_6$	$m_7$	$-f_4$	$-m_5$	$-f_2$	$-m_3$	$f_0$	$m_1$

Рис. 3. Таблица умножения базисных элементов 8-мерной генетической алгебры, матричная форма членов которой дана на Рис. 1.

Условная векторная запись  $V_8 = x_0 * f_0 + x_1 * m_1 + x_2 * f_2 + x_3 * m_3 + x_4 * f_4 + x_5 * m_5 + x_6 * f_6 + x_7 * m_7$  модельной матрицы  $V_8$  генетического кода оказывается записью некоторого 8-мерного числа («октавного геночисла»). Подобно тому, как, перемножая два комплексных числа, вы всегда получаете новое комплексное число, или перемножая два кватерниона Гамильтона вы снова получаете кватернион Гамильтона, так перемножая или складывая два таких октавных геночисла вы всегда снова получаете октавное геночисло. Тем самым, в математическом естествознании появляется новая числовая система  $V_8$ , подсказанная феноменологией генетического кода и, как будет показано, необычная по содержанию.

Представленная алгебра может обоснованно рассматриваться как модель генетического кода или пред-код (детали см. в книге [Петухов, 2008]). Она обладает интересными математическими свойствами. При ближайшем рассмотрении оказывается, что эти генетические 8-мерные числа  $V_8$  можно назвать «двойными генетическими кватернионами», что вызывает эвристические ассоциации с двойной спиралью ДНК – носителем генетической информации. Эти генетические кватернионы могут рассматриваться как антикватернионы, описанные в книге [Розенфельд, 1966].

Подобно тому, как структура трехмерного пространства почему-то соответствует алгебре кватернионов Гамильтона, так структура генетического кода соответствует алгебре спаренных генокватернионов. Из кватернионов Гамильтона, как известно, вытекает классическое векторное исчисление, соответствующее случаю изотропного векторного пространства. Действуя по аналогии, мы получаем из генетических кватернионов «генетическое векторное исчисление», соответствующее анизотропному векторному пространству, что важно для моделирования феноменов анизотропного характера в биологических объектах (то есть в анизотропных биологических пространствах). Представляемые исследования по матричной генетике дают основания для гипотезы о том, что для биологических систем существует специфическая – «генетическая» - механика, связанная с геновекторным исчислением. Современная биомеханика представляет собой набор приложений классической механики к моделированию свойств живых тел. По нашему мнению, такая биомеханика со временем будет сильно потеснена генетической механикой с ее привязкой к анизотропным пространствам

Полученные результаты свидетельствуют о том, что живое вещество наделено особыми формами упорядоченности, которые имеют алгебраическое выражение и сопряжены с геометриями многомерных пространств. Представляемые результаты подтверждают ту точку зрения, что многие трудности математизации биологии обусловлены неадекватностью алгебр, применяемых для описания ее структур, но созданных ранее совсем для других систем. Их можно сравнить с трудностями Гамильтона, который 10 лет

безуспешно пытался найти описание трансформаций трехмерного пространства на основе алгебры трехмерных чисел, пока не увидел, что их описание соответствует алгебре кватернионов.

### **О важности понятия числа и идеи Пифагора.**

В связи с открытием соответствия генетического кода представляемой 8-мерной числовой системе приведем две цитаты, характеризующие важность понятия числа. «Сложность цивилизации, как в зеркале, отражается в сложности используемых ею чисел» [Дейвис, «Арифметика», 1967, с.30].

«Число - одно из самых фундаментальных понятий не только математики, но и всего естествознания. Оно, быть может, первичней таких глобальных категорий, как время, пространство, вещество или поле» (редакционная статья журнала "Гиперкомплексные числа в геометрии и физике", 2004, №1

Пифагор сформулировал идею: «Все в мире есть число». Эта идея оказала колоссальное влияние на все последующие поколения. Б.Рассел: «Я не знаю другого человека, который оказал бы такое влияние на научное мышление людей, как Пифагор». С этой точки зрения в мире нет более фундаментальной научной идеи, чем эта. Гаусс, Арган, Вессель продемонстрировали, что плоскость по своим свойствам соответствует двумерным комплексным числам. Гамильтон открыл, что наше трехмерное физическое пространство по своим свойствам соответствует «кватернионам Гамильтона». Мы обнаруживаем, что генетический код по своим свойствам соответствует двойным кватернионам специального вида (генокватернионам). В определенном смысле, генетический код есть октавное число инь-ян-алгебры и его свойства отражены в свойствах обнаруженной нами октавной числовой системы (другими словами, генетический код есть двойное гиперкомплексное число специального вида). Это дает новый материал к великой идее Пифагора.

Число есть основное понятие математики и соответственно всего математического естествознания. Тем самым, занимаясь генетическим кодом как основанием живых организмов, мы неожиданно попадаем в область оснований математики и математического естествознания. Оказывается, что математическое естествознание исторически строится как продолжение принципов строения нас самих, поскольку в его основу кладется понятие числа, в соответствие с которым построены мы сами (по крайней мере, в области генетической информатики). Такое строительство науки напоминает строительные инстинкты живых организмов, в соответствии с которыми они строят свои жилища по принципам, по которым построены сами. Математическое естествознание в своей информационной сущности есть продолжение генетической информатики и развивается по аналогии со строительными инстинктами и феноменами биологического морфогенеза. Образно говоря, жизнеспособное математическое естествознание есть продолжение нашего тела, структурно согласованное с ним (проблема антропоморфизма развития науки).

Созданные в излагаемом исследовании алгебраические модели структур генетического кода дают новые возможности для оптимизации эргономических систем, например, систем предъявления информации человеку-оператору как звену управления в системах человек-машина. Эти работы ведут также к появлению новых методов профессионального и социального отбора и подготовки с учетом данных генетической психологии и генетической совместимости членов рабочих и социальных групп. Они полезны для совершенствования методов и средств протезирования физиологических систем организма с помощью компьютерных чипов. Изучение информационных принципов организации живого вещества является одним из наиболее актуальных научных направлений в современной мировой науке, связанным не только с фундаментальной

наукой, но и со многими прикладными задачами, направленными на улучшение качества жизни: нанотехнологическими задачами по созданию ДНК-роботов и ДНК-компьютеров; новых биотехнических материалов; задачами протезирования с внедрением в организм компьютерных чипов, при котором сам человек становится системой человек-машина, и пр.

### **Литература.**

1. Дейвис, «Арифметика». – В сборнике «Математика в современном мире», М., Мир, 1967, с. 30-40.
2. Петухов С.В. «Бипериодическая таблица генетического кода и число протонов» (предисловие акад. К.В.Фролова). – М., 2001, 258 с.
3. Петухов С.В. Симметрии в биологии. – Приложение к книге: Шубников А.В., Копчик В.А. «Симметрия в науке и искусстве», 3-е издание, М, 2004, с. 482-513.
4. Петухов С.В. «Матричная генетика, алгебры генетического кода, помехоустойчивость» (предисловие К.В.Фолова), М., РХД, 2008, 316 с.
5. Петухов С.В., Петухова Е.С. Матрично-тензорная интерпретация таблиц древнекитайской «Книги перемен» и генетического кода. Геноарт. – Ежегодник «Дельфис», 2006, часть 2, с. 89-95.
6. Петухов С.В., Петухова Е.С. Матричная генетика и помехоустойчивость в биоинформатике. - Ежегодник «Дельфис», 2007, с.33 -43.
7. Розенфельд Б.А. Многомерные пространства. М., Наука, 1966.
8. Уотермен М.С. (ред.). Математические методы для анализа последовательностей ДНК. – М., Мир, 1999.
9. Petoukhov S.V. Genetic Codes. - Symmetry in Genetic Information, Petoukhov S.V., special issue of the journal "Symmetry: Culture and Science", Budapest, 2001: Internat. Symmetry Foundation, p. 255-306.
10. Petoukhov S.V., He M. Symmetrical Analysis Techniques for Genetic Systems and Bioinformatics: Advanced Patterns and Applications. 2009, Hershey, USA: IGI Global.