

Эта статья (тезисы доклада) опубликована в: «Симметрии: теоретический и методологический аспекты». Сборник научных трудов 1-го Международного семинара, Астрахань, 2005. Издательский дом «Астраханский университет», 2005, с. 27-38

СИММЕТРИИ И ТЕНЗОРНЫЙ АНАЛИЗ ГЕНЕТИЧЕСКИХ КОДОВ. ГЕОМЕТРИЧЕСКАЯ ПАРАДИГМА БИОИНФОРМАТИКИ.

С.В. Петухов

Отдел биомеханики Института машиноведения РАН
Россия, 121248. Москва, (095)-243-4983, petoukhov@hotmail.com

*“... истинная, единственная цель науки
– раскрытие не механизма, а единства”*

Анри Пуанкаре

История науки свидетельствует о важности поиска когнитивных (познавательных) форм представления феноменологических данных, то есть свернутых и удобных для анализа форм представления бесчисленных единиц информации о природе. Все развитие математического естествознания, использующее методы и принципы симметрии, базируется во многом на нахождении таких форм.

Настоящая статья посвящена предлагаемой и развиваемой автором когнитивной форме представления данных о системе генетического кодирования. Эта форма основана на символьных и числовых матрицах генетических мультиплетов. Данные матрицы, условно называемые геноматрицами, составляют особые семейства, образуемые и исследуемые на основе классического матричного исчисления. Числовые геноматрицы порождаются из символьных геноматриц в результате замены символов генетических элементов их реальными количественными параметрами. Эта когнитивная форма представления уже привела к обнаружению новых феноменологических правил эволюции генетического кода, выявлению скрытых связей физико-химических параметров системы генетического кода с золотым сечением, обоснованию новых подходов (в частности, хронобиологических) к вопросам генетического кодирования, и пр. Оказывается, что загадочные наборы структур, реализованные природой в иерархической системе генетического кодирования, можно эвристическим образом сопоставлять с семействами математических матриц, составленных из элементов данных структур. Язык матричного исчисления и тензорного анализа, являющийся одним из основных во всем современном математическом естествознании и компьютерной информатике, неожиданно выступает в роли языка результативного представления системы генетического кодирования. В силу ограниченного объема статьи многие из полученных результатов данного направления приведены в ней фрагментарно с отсылкой к авторским публикациям.

О полиплетной системе генетического кодирования. Молекулярная генетика открыла, что все живые организмы имеют одни и те же основы генетического кодирования и в этом отношении неотличимы друг от друга. Другими словами, в науке произошло великое объединение живых организмов. Основы языка наследственной информации поразительно просты и наделены отношениями симметрии. Для записи генетических посланий, кодирующих белки, в рибонуклеиновых кислотах любых

организмов используется «алфавит», состоящий всего из четырех «букв» или азотистых оснований: аденин (А), цитозин (С), гуанин (G), урацил (U) (в ДНК вместо урацила используется родственный ему тимин (Т)). Именно строчная последовательность этих четырех букв (или моноплетов) на нитях нуклеиновых кислот содержит генетическую информацию для синтеза белков. Эти буквы образуют между собой комплементарные пары С-G и А-U, поскольку в молекулах наследственности стоят напротив друг друга и связаны соответственно тремя и двумя водородными связями. Данный набор четырех букв обычно считается элементарным алфавитом генетического кода. Современной науке не известны причины того, почему алфавит генетического языка именно четырехбуквенный (а не из тридцати букв, например) и почему из миллиардов возможных химических соединений именно эти четыре азотистые основания выбраны в качестве элементов алфавита.

Генетическая информация, передаваемая молекулами наследственности (ДНК и РНК), определяет первичное строение белков живого организма. Каждый кодируемый белок представляет собой цепь из 20 видов аминокислот. В организме человека, например, примерно 40 000 видов белков, которые отличаются друг от друга очередностью и количеством аминокислот в них. Последовательность аминокислот в белковой цепи определяется последовательностью триплетов в молекуле наследственности. Триплетом называется блок из трех соседних азотистых оснований, расположенных вдоль нити ДНК (или РНК). Из четырехбуквенного алфавита можно составить всего $4^3 = 64$ вида триплетов. Каждый из них имеет кодовое значение, кодируя ту или иную из 20 аминокислот или знаки начала и остановки белкового синтеза. Генетический код называется вырожденным, поскольку 64 триплета кодируют всего 20 аминокислот, и каждая аминокислота, как известно, может кодироваться разными - от одного до восьми - триплетами. Если произвольная белковая цепь содержит n аминокислот, то соответствующая ему последовательность (секвенция) азотистых оснований в молекуле ДНК содержит $3n$ азотистых оснований или, другими словами, задается $3n$ -плетом. Белковые цепи обычно содержат сотни аминокислот и соответственно задаются весьма длинными полиплетами. Вся система генетического кода белков является полиплетной – от четырех моноплетов генетического алфавита и 64 триплетов до полиплетов из многих тысяч элементов. Эта система может быть представлена как состоящая из семейств полиплетов одинаковой длины.

Матричное представление генетических полиплетов. Информация в компьютере обычно хранится в виде матриц. Автор предложил представлять систему четырех букв генетического алфавита в форме символьной квадратной матрицы второго порядка P (Рис. 1). И, кроме того, рассматривать всю трудно обозримую систему семейств одинаковых по длине генетических полиплетов в виде соответствующего семейства матриц $P^{(n)}$, представляющих собой тензорные (кронекеровы) степени данной матрицы P (скобки при показателе степени означают, что возведение в степень n понимается в смысле тензорного умножения матриц, символом которого является знак \otimes). Для терминологического обозначения предложено называть эти взаимосвязанные матрицы геноматрицами, поскольку они состоят из генетических полиплетов. Данное семейство геноматриц $P^{(n)}$ при достаточно большом “ n ” унифицированным образом представляет всю систему генетических кодовых полиплетов, как кодирующих белки всех живых организмов, так и имеющих иное кодовое содержание: моноплеты генетического алфавита и триплеты, кодирующие не белки, а аминокислоты.

В каждом из четырех квадрантов геноматрицы $P^{(n)}$ собраны все n -плеты, начинающиеся с одной из четырех букв С, А, U, G. Если не обращать внимания на эту первую букву в n -плетях квадранта, то легко видеть, что квадрант матрицы $P^{(n)}$ полностью воспроизводит матрицу $P^{(n-1)}$ предыдущего поколения (это обусловлено свойствами тензорного возведения матрицы в степень). Если процесс образования в этом семействе очередных геноматриц $P^{(n)}$ с ростом “ n ” условно назвать эволюционным порождением очередного поколения геноматриц, то геноматрица каждого нового поколения в силу описанной особенности содержит в себе в скрытом виде информацию о всех предыдущих поколениях (геноматрицы с «памятью поколений»). Самая большая геноматрица $P^{(n)}$, n -плеты которой кодируют самый длинный из белков, называется архматрицей. Поскольку она содержит в себе информацию обо всех геноматрицах с более короткими кодовыми полиплетами, то формально задача исследования всей системы генетических полиплетов сводится к изучению архматрицы.

$$P = \begin{array}{|c|c|c|} \hline & 1 & 0 \\ \hline \underline{1} & C & A \\ \hline \underline{0} & U & G \\ \hline \end{array}, \quad P^{(2)} = P \otimes P = \begin{array}{|c|c|c|c|} \hline & 11 & 10 & 01 & 00 \\ \hline \underline{11} & CC & CA & AC & AA \\ \hline \underline{10} & CU & CG & AU & AG \\ \hline \underline{01} & UC & UA & GC & GA \\ \hline \underline{00} & UU & UG & GU & GG \\ \hline \end{array}$$

$$P^{(3)} = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline & 111 & 110 & 101 & 100 & 011 & 010 & 001 & 000 \\ \hline \underline{111} & CCC & CCA & CAC & CAA & ACC & ACA & AAC & AAA \\ \hline \underline{110} & CCU & CCG & CAU & CAG & ACU & ACG & AAU & AAG \\ \hline \underline{101} & CUC & CUA & CGC & CGA & AUC & AUA & AGC & AGA \\ \hline \underline{100} & CUU & CUG & CGU & CGG & AUU & AUG & AGU & AGG \\ \hline \underline{011} & UCC & UCA & UAC & UAA & GCC & GCA & GAC & GAA \\ \hline \underline{010} & UCU & UCG & UAU & UAG & GCU & GCG & GAU & GAG \\ \hline \underline{001} & UUC & UUA & UGC & UGA & GUC & GUA & GGC & GGA \\ \hline \underline{000} & UUU & UUG & UGU & UGG & GUU & GUG & GGU & GGG \\ \hline \end{array}$$

Рис. 1. Простейшие представители семейства геноматриц $P^{(n)}$ для случаев $n = 1, 2, 3$ [Петухов, 2001].

Эти геноматрицы возникли в ходе авторского исследования набора симметрологических признаков у четырех азотистых оснований А, С, G, U. Данное исследование показало, что этот набор четырех биохимических структур является носителем трех пар оппозиционных признаков, с учетом которых четырехбуквенный генетический алфавит содержит три бинарных субалфавита [Петухов, 1999-2001]. Для данной статьи существенно лишь отметить, что из четырех букв кода две буквы С и U являются пиримидинами, а две другие буквы А и G – пуринами. Поэтому можно на объективной основе ввести бинарную систему обозначений (первый бинарный субалфавит), в которой пиримидины С и U характеризуются символом 1, а пурины А и G – символом 0. По другой паре оппозиционных признаков (наличию или отсутствию свойства аминотируемости) - эквивалентными оказываются другие пары букв, что позволяет ввести другую бинарную систему обозначений (второй бинарный субалфавит): эквивалентные по наличию данного свойства буквы С и А обозначаются символом $\underline{1}$, а другая пара букв, лишенная этого свойства, - символом $\underline{0}$ (для отличия данных двух бинарных систем бинарные символы второй системы наклонены и подчеркнуты). В матрицах на Рис. 1 указаны бинарные номера всех столбцов и строк. Эти номера образуются автоматически при чтении полиплетов каждого столбца с точки

зрения первого бинарного субалфавита, а полиплетов каждой строки – с точки зрения второго бинарного субалфавита. Например, триплет CAU в первом субалфавите имеет бинарное побуквенное обозначение 101 (совпадает с бинарными обозначениями всех триплетов его столбца, а потому используется как номер данного столбца), а во втором субалфавите – бинарное обозначение $\underline{110}$ (совпадает с бинарными обозначениями всех триплетов его строки, а потому используется как ее номер). В силу такой эквивалентности триплетов по строкам и столбцам матрицы с точки зрения двух бинарных субалфавитов данные геноматрицы называются также бипериодическими.

Числовые геноматрицы. При замене в символьных матрицах $P^{(n)}$ каждого символа азотистых оснований на те или иные их количественные параметры получают соответствующие числовые геноматрицы. Конкретным примером служат мультипликативные матрицы водородных связей азотистых оснований кода. Комплементарные водородные связи букв кода давно подозреваются на особую информационную значимость. Речь идет о двух и трех водородных связях (по которым $C=G=3$, $A=U=2$), соединяющих комплементарные пары азотистых оснований в молекулах наследственности. Заменяем каждый полиплет во всех матрицах $P^{(n)}$ произведением чисел водородных связей его азотистых оснований. При этом, например, триплет CGA в октетной матрице $P^{(3)}$ заменяется на произведение $3 \times 3 \times 2 = 18$. В результате получаем мультипликативные числовые невырожденные матрицы $P_{\text{мульти}}^{(n)}$. В частности, получаем октетную матрицу $P_{\text{мульти}}^{(3)}$ (Рис.2):

								Σ	
$P_{\text{мульти}}^{(3)} =$	27	18	18	12	18	12	12	8	125
	18	27	12	18	12	18	8	12	125
	18	12	27	18	12	8	18	12	125
	12	18	18	27	8	12	12	18	125
	18	12	12	8	27	18	18	12	125
	12	18	8	12	18	27	12	18	125
	12	8	18	12	18	12	27	18	125
	8	12	12	18	12	18	18	27	125
Σ	125	125	125	125	125	125	125	125	1000

Рис. 2. Мультипликативная матрица $P_{\text{мульти}}^{(3)}$, которая содержит произведения чисел водородных связей для триплетов ($C=G=3$, $A=U=2$). Правый столбец показывает сумму чисел в каждой строке. Нижняя строка показывает сумму чисел в каждом столбце. Жирными рамками обведены диагональные ячейки матрицы.

Так возникающие числовые матрицы $P_{\text{мульти}}^{(n)}$ симметричны относительно обеих диагоналей, а потому названы бисимметрическими. Они имеют интересные свойства. Так, в любой из матриц $P_{\text{мульти}}^{(n)}$ сумма чисел в каждой ее строке и каждом ее столбце равны 5^n , а общая сумма чисел в матрице равна 10^n . Например, в матрице $P_{\text{мульти}}^{(3)}$ суммы в строке и столбце равны 125, а общая сумма чисел равна 1000.

Золотое сечение и золотые геноматрицы. Автор с удивлением обнаружил, что эти бисимметрические геноматрицы $P^{(n)}$ связаны с золотым сечением, которое, по крайней мере, со времен Возрождения (Леонардо да Винчи, Иоганн Кеплер и др.) служит в математике символом самовоспроизведения. Десятки авторов в разных странах публикуют статьи о проявлении золотого сечения в различных физиологических системах и процессах: сердечно-сосудистых, дыхательных,

локомоторных, психофизиологических и пр. В свете этого золотое сечение выступает кандидатом на роль одного из базовых элементов в феномене наследуемой сопряженности физиологических подсистем, обеспечивающей единство организма.

Выявленная скрытая связь между золотым сечением $\phi = (1+5^{0.5})/2 = 1,618\dots$ и основными параметрами генетического кода заключена в том, что каждая из мультипликативных геноматриц $P_{\text{мульти}}^{(n)}$ представляет собой вторую степень соответствующей «золотой» матрицы $\Phi_{\text{мульти}}^{(n)}$: $P_{\text{мульти}}^{(n)} = (\Phi_{\text{мульти}}^{(n)})^2$. Для примера рассмотрим корень квадратный из матрицы $P_{\text{мульти}}^{(3)}$ (Рис. 3). Каждый из 64 элементов этой бисимметрической матрицы представляют собой именно золотое сечение ϕ , взятое в одной из четырех степеней ± 1 и ± 3 , образующих инверсионные пары (типа инь-янь): ϕ^{+1} и ϕ^{-1} ; ϕ^{+3} и ϕ^{-3} . Подобные матрицы, все элементы которых представляют собой золотые сечения в той или иной целой степени, автор называет «золотыми». Обнаружен простой алгоритм выписывания всех элементов золотой матрицы $\Phi_{\text{мульти}}^{(n)}$, квадрат которой равен матрице $P_{\text{мульти}}^{(n)}$, без проведения перемножения матриц. Он заключается в замене каждого полиплета в исходной символьной матрице $P^{(n)}$ (см. Рис. 2) произведением следующих числовых значений для его букв: $C = G = \phi$, $A = U = \phi^{-1}$. Например, триплет CGA в октетной матрице $P^{(3)}$ заменяется на произведение $\phi \times \phi \times \phi^{-1} = \phi$.

$$\Phi_{\text{мульти}}^{(3)} = (P_{\text{мульти}}^{(3)})^{1/2} = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline \phi^3 & \phi^1 & \phi^1 & \phi^{-1} & \phi^1 & \phi^{-1} & \phi^{-1} & \phi^{-3} \\ \hline \phi^1 & \phi^3 & \phi^{-1} & \phi^1 & \phi^{-1} & \phi^1 & \phi^{-3} & \phi^{-1} \\ \hline \phi^1 & \phi^{-1} & \phi^3 & \phi^1 & \phi^{-1} & \phi^{-3} & \phi^1 & \phi^{-1} \\ \hline \phi^{-1} & \phi^1 & \phi^1 & \phi^3 & \phi^{-3} & \phi^{-1} & \phi^{-1} & \phi^1 \\ \hline \phi^1 & \phi^{-1} & \phi^{-1} & \phi^{-3} & \phi^3 & \phi^1 & \phi^1 & \phi^{-1} \\ \hline \phi^{-1} & \phi^1 & \phi^{-3} & \phi^{-1} & \phi^1 & \phi^3 & \phi^{-1} & \phi^1 \\ \hline \phi^{-1} & \phi^{-3} & \phi^1 & \phi^{-1} & \phi^1 & \phi^{-1} & \phi^3 & \phi^1 \\ \hline \phi^{-3} & \phi^{-1} & \phi^{-1} & \phi^1 & \phi^{-1} & \phi^1 & \phi^1 & \phi^3 \\ \hline \end{array}$$

Рис. 3. Октетная золотая геноматрица $\Phi_{\text{мульти}}^{(3)} = (P_{\text{мульти}}^{(3)})^{1/2}$, в которой через ϕ обозначено золотое сечение.

Все матрицы $(P_{\text{мульти}}^{(n)})^{1/2}$ являются золотыми. Образно говоря, геноматрицы имеют скрытую подложку из золотых матриц. Например:

$$P_{\text{мульти}} = \begin{array}{|c|c|} \hline 3 & 2 \\ \hline 2 & 3 \\ \hline \end{array}; (P_{\text{мульти}})^{1/2} = \begin{array}{|c|c|} \hline \phi & \phi^{-1} \\ \hline \phi^{-1} & \phi \\ \hline \end{array}; (P_{\text{мульти}}^{(2)})^{1/2} = \begin{array}{|c|c|c|c|} \hline \phi^2 & \phi^0 & \phi^0 & \phi^{-2} \\ \hline \phi^0 & \phi^2 & \phi^{-2} & \phi^0 \\ \hline \phi^0 & \phi^{-2} & \phi^2 & \phi^0 \\ \hline \phi^{-2} & \phi^0 & \phi^0 & \phi^2 \\ \hline \end{array};$$

Рис. 4. Начало семейства золотых геноматриц $(P_{\text{мульти}}^{(n)})^{1/2} = \Phi_{\text{мульти}}^{(n)}$, в которых через ϕ обозначено золотое сечение.

Обнаружение связи золотого сечения с параметрами генетического кода и геноматрицами позволило автору предложить новое – матрично-генетическое – определение золотого сечения: золотое сечение и его обратная величина (ϕ и ϕ^{-1}) представляют собой единственные матричные элементы бисимметрической матрицы Φ , являющейся корнем квадратным из такой бисимметрической числовой матрицы $P_{\text{мульти}}$ второго порядка, элементами которой являются генетические числа водородных связей ($C=G=3$, $A=U=2$) и которая имеет положительный детерминант. Это

определение не использует элементов классических определений золотого сечения: отрезков прямой, квадратного уравнения, предельного отношения в специальных числовых рядах. Кроме того, оно носит бинарный характер, определяя сразу системную пару взаимобратных величин ϕ и ϕ^{-1} (в разных литературных источниках золотым сечением называют или величину ϕ или обратную величину ϕ^{-1}).

Имеется огромный литературный материал о применении золотого сечения для анализа и моделирования множества природных явлений и систем – от астрономии до биологии и физики элементарных частиц. Выдвинутое положение о матричном определении и матричной сущности золотого сечения дает эвристическую возможность рассмотреть весь этот материал на предмет его содержательной интерпретации с принципиально новой – матричной - точки зрения. Автор полагает, что многие реализации золотого сечения в живой и неживой природе связаны именно с матричной сущностью и матричным представлением золотого сечения. Математика золотых матриц – новая математическая веточка, изучающая, в частности, рекуррентные соотношения между рядами золотых матриц, а также моделирование с их помощью природных систем и процессов.

Золотые и другие бисимметрические матрицы проявляют красивые инвариантно-групповые свойства [Петухов, 2001-2004]. В частности, отметим аналогию между бисимметрическими геноматрицами второго порядка, например, $\Phi_{\text{мульти}}$ и известными матрицами гиперболических поворотов, которые также бисимметричны: $[\text{sh } x \quad \text{ch } x ; \text{ch } x \quad \text{sh } x]$ (здесь матрица записана в строчной форме, известной, например, по программе Matlab). Данная аналогия позволяет интерпретировать бисимметрические геноматрицы в связи с гиперболическими поворотами, имеющими приложения в физике и математике [Петухов, 2004]. Речь идет, прежде всего, об их приложениях в специальной теории относительности и релятивистском солитонном уравнении синус-Гордона, ранее выдвинутом автором в связи с общебиологическими феноменами надмолекулярных солитонов на роль фундаментального солитонного уравнения для живой материи [Петухов, 1999]. Эта аналогия представляет геноматрицы высоких порядков в виде соответствующих тензорных степеней матрицы (2×2) гиперболического поворота.

Симметрия аминокислот в геноматрице триплетов и эволюция генетических кодов. Как размещаются 20 аминокислот в матрице $P^{(3)}$, содержащей все 64 триплета? Нет никаких исходных оснований надеяться на их симметричное расположение в ней. Однако, оказывается, что именно закономерное, симметрическое расположение категорий аминокислот с различной кодовой вырожденностью реализуется в данной матрице $P^{(3)}$. На основе построенных геноматриц удалось дополнительно установить целый ряд новых результатов об эволюционных особенностях системы генетического кодирования [Петухов, 2001-2004], например:

- существование эволюционных правил вырожденности в системах генетических кодов, членищих множество наследственно кодируемых 20 аминокислот на подмножества из 8 высоковырожденных и 12 низковырожденных аминокислот;
- существование двух ветвей эволюции внутри генетического кода;
- структурные параллелизмы между характеристиками вырожденности генетических кодов и суточными биоритмами, отраженными в восточной хрономедицине с ее методами акупунктуры, диагностики по пульсу и пр.;
- вероятную связь структурных особенностей системы генетического кодирования с базовыми механизмами фотосинтеза, продуцирующими

первичное живое вещество в увязке с циклическим поступлением солнечной энергии в течении суток (это циклически продуцируемое живое вещество в дальнейшем подлежит охвату схемами наследственного кодирования).

- Структурные параллелизмы между субхромосомными системами генетического кода и законами Менделя, относящимися к надхромосомному уровню (генетические тетра-множества и пр.).
- Объяснение числа 20 генетически кодируемых аминокислот (связанное с членением на 8 высоковырожденных и 12 низковырожденных аминокислот).
- Параллелизмы числовых геноматриц с эрмитовыми матрицами и матрицами плотности статистической квантовой механики, открывающие новые возможности применения формализмов квантовой физики к биоинформатике.
- Структурные параллелизмы геноматриц 64 триплетов с известной таблицей 64 гексаграмм из древнекитайской «Книги перемен», написанной тысячи лет назад и утверждающей эту таблицу в роли всеобщего природного архетипа.
- Связь геноматриц с метрическими тензорами римановой геометрии, позволяющая развивать геометрическую (тензорную) парадигму биоинформатики.

Новая, геометрическая парадигма биоинформатики. Известен феномен наследования метрических форм у живых тел. Морфологические характеристики видов используются для таксономической классификации организмов. Морфогенетические процессы на разных линиях и ветвях биологической эволюции подчас демонстрируют удивительную общность, позволяющую надеяться на создание в будущем единой теории биологического морфогенеза. Примером могут служить феномены филлотаксиса (листорасположения), проявляющиеся у многих растительных и животных организмов и связанные с числами Фибоначчи и золотым сечением (см. обзор в книге [Петухов, 1981]).

Огромный класс наследуемых биологических поверхностей и линий имеет криволинейный характер и наделен внутренней метрикой. С геометрической точки зрения живой организм представим как система геометрических многообразий, обладающая свойством в большей или меньшей степени воспроизводиться в потомках. Понятие многообразия является фундаментальным геометрическим понятием, введенным Риманом. На многообразии может быть введена метрика путем фиксации ее в бесконечно малой его части через задание расстояния между двумя бесконечно близкими элементами с помощью так называемого метрического тензора. Многообразия, наделенные таким образом метрикой, образуют римановы пространства, которые изучает риманова геометрия в широком смысле. Внутреннюю метрику, наследуемую живыми телами, естественно описывать и анализировать прежде всего на языке той геометрии, в которой многообразия обретают метрику и которая призвана изучать разнообразные варианты метрических объектов, например, криволинейных линий и поверхностей наследуемых биологических форм. С этой точки зрения риманова геометрия и ее расширения могут рассматриваться как базовые для исследования геометрических аспектов феномена морфологического наследования у организмов, наделенных внутренней метрикой. Наиболее важным объектом в римановой геометрии, широко используемой в физике, является метрический тензор, поскольку его задание определяет саму риманову геометрию.

Оказывается, рассмотренные числовые геноматрицы могут быть содержательным образом интерпретированы как метрические тензоры. Например, базовая бисимметрическая (2x2)-геноматрица $P_{MULT}^{(1)}$ может быть интерпретирована

как метрический тензор на плоскости, построенный на аффинном репере из «золотых» векторов e_1 с координатами (φ, φ^{-1}) и e_2 с координатами (φ^{-1}, φ) . Эти золотые вектора составляют бисимметрическую (2×2) -матрицу $\Phi_{\text{MULT}}^{(1)}$, возведение которой в квадрат в обычном смысле дает матрицу $P_{\text{MULT}}^{(1)}$. Для того, чтобы матрица $P_{\text{MULT}}^{(1)}$ могла быть интерпретирована как тензор, необходимо указать группу преобразований, относительно которой она выступает как тензор. В данном случае такой группой является, например, группа вращений плоскости (или более широкая группа движений), преобразования которой оставляют неизменной величины скалярных произведений реперных золотых векторов, хотя координаты самих векторов при таких преобразованиях меняются.

С точки зрения римановой геометрии проблемы наследования метрических характеристик в биологических объектах во многом сводится к проблеме наследования метрических тензоров. Обнаруженные связи геноматриц с метрическими тензорами позволяют автору выдвигать и развивать геометрическую парадигму генетического кодирования (или, более широко, биоинформатики). В ее рамках полагается, что феномены наследования метрических характеристик связаны с метрическими тензорами римановой геометрии, хранящимися и передаваемыми молекулярно-генетической системой из поколения в поколение (образно говоря, «тензорными гомункулусами»). Общепризнанные в современной генетике носители генов сами имеют сложную метрическую конфигурацию и, вообще говоря, являются носителями каких-то метрических тензоров и тензорных полей. Например, хромосомы в клеточных ядрах обладают закономерной структурой иерархических спиралей, которая по существу выступает носителем целой совокупности метрических тензоров или тензорных полей, связанных с различными физическими и геометрическими факторами. Решение вопроса о том, какие именно из этих тензоров, передаваемые от родителя потомку, являются определяющими для развития метрических характеристик потомка, принадлежит будущему. Система элементов генетического кода представляется одной из взаимосопреженных частей этой биологической системы метрических тензоров, что определяет во много ее специфику. Для сравнения отметим, что существующая парадигма генетического кодирования гласит о кодировании первичного строения белков и вовсе не рассматривает отношение генетического кода к феномену наследования метрических макроформ.

Литература:

1. Петухов С.В. Биомеханика, бионика и симметрия, М., Наука, 1981, 239 с.
2. Петухов С.В. Биосолитоны. Основы солитонной биологии. – М., 1999, 288 с.
3. Петухов С.В. Бипериодическая таблица генетического кода и число протонов. – М., 2001, 258 с.
4. Петухов С.В. Симметрии в биологии. – Приложение к книге: Шубников А.В., Копчик В.А. «Симметрия в науке и искусстве», 3-е издание, М, 2004а, с. 482-513.
5. Петухов С.В. Метафизические аспекты матричного анализа генетического кодирования и золотое сечение. – Сб. «Вопросы метафизики» (под ред. Ю.С.Владимирова), МГУ, 2005.
6. Петухов С.В. Религия и живое вещество. Новая – геометрическая – парадигма биоинформатики. – Труды православных чтений 2005 года в МГУ (под ред. Ю.С.Владимирова), 2005.
7. Petoukhov S.V. The rules of degeneracy and segregations in genetic codes. the chronocyclic conception and parallels with Mendel's laws. – “Advances in bioinformatics

and its applications” (editors M.He, G.Narasimhan, S.Petoukhov). Series in Mathematical Biology and Medicine, v.8. - World Scientific, N-J., London,..., 2005, p.512-532.

Summary. Systems of elements of genetic code are studied by their cognitive presentation in a form of mathematical matrices of symbolic and numerical kinds. This cognitive form of data presentation permits to discover new phenomenological rules of genetic codes, to reveal two branches of evolution within genetic code, to present hidden interrelations between the golden section and parameters of genetic polyplets, to discover matrices of a hyperbolic turn in genetic matrices, etc. A few rules of degeneracy and segregations of genetic codes are revealed in this direction. These results are used by the author to put forward a geometrical (tensor) conception of bioinformatics.