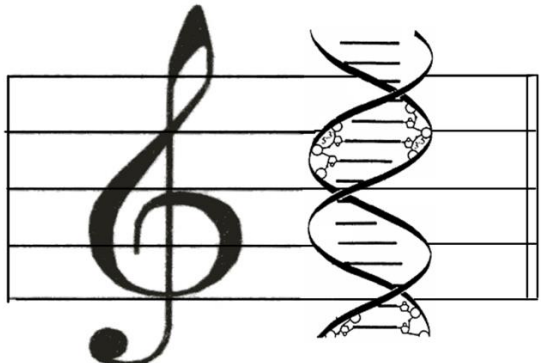
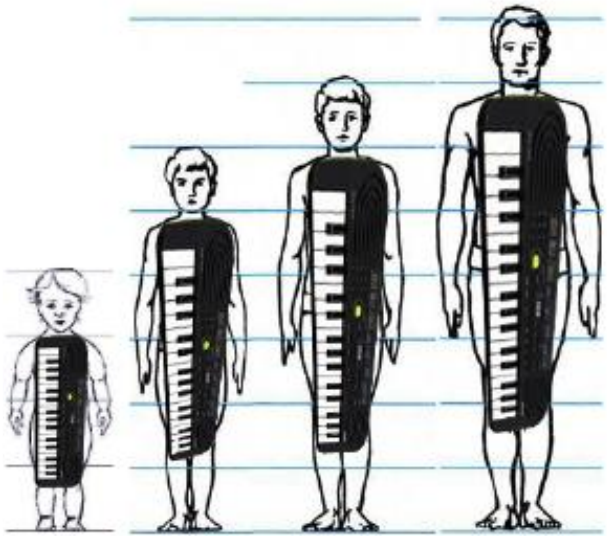
Секция «Математика, музыка и искусственный интеллект» Всемирного конгресса 26-30 июня 2023 года в Москве (https://congrsysalgbai.ru/)

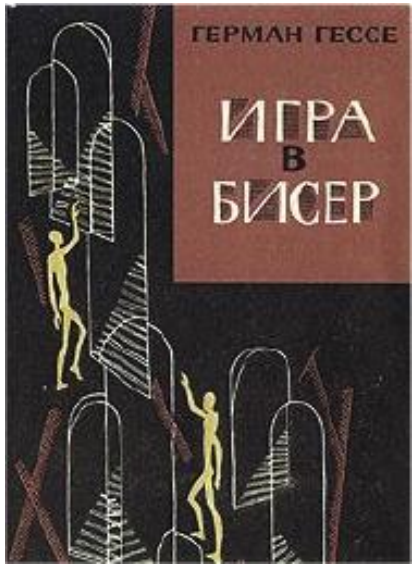
МУЗЫКА И ГЕНЕТИКА: ПИФАГОРЕЙСКИЕ СТРОИ И УНИВЕРСАЛИИ ГЕНОМНЫХ ДНК

С.В. Петухов
д.ф.-м.н., зав.лабораторией биомеханики ИМАШ РАН

http://petoukhov.com/, spetoukhov@gmail.com







Задача доклада – показать структурную связь генетической информатики ДНК с гармонией музыкальных строев, прежде всего, квинтовых пифагорейских строев.

Музыка давно связывается с математикой. Например, Лейбниц утверждал, что музыка есть математика души, которая вычисляет сама того не сознавая. Понятие музыкальной гармонии известно в Европе со времен Пифагора и его строя до-ре-ми-фа-соль-ля-си, основанного на отношении 3/2, которое называется квинтой. Если звуковые частоты этих нот разнести в разные октавы, то образуется фрагмент из 7 членов геометрической прогрессии с квинтой 3/2 как коэффициентом прогрессии.

fa (F)	do (C)	sol (G)	re (D^1)	la (A^1)	mi (E^2)	si (B^2)
87	130	196	293	440	660	990
$(3/2)^{-3}$	$(3/2)^{-2}$	$(3/2)^{-1}$	$(3/2)^{0}$	$(3/2)^{1}$	$(3/2)^{2}$	$(3/2)^{3}$

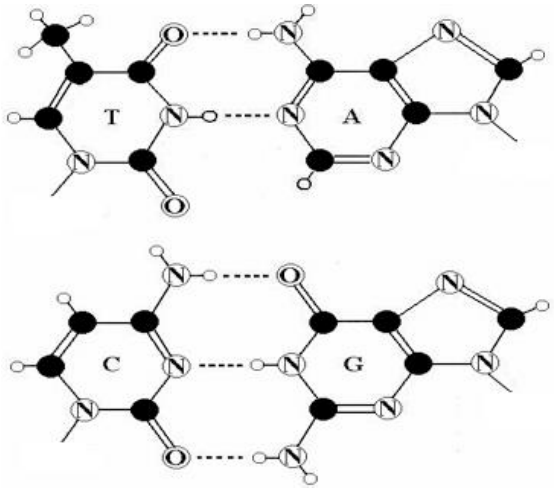
При сведении этих частот в одну октаву возникает двухинтервальный строй, который был известен еще в Древнем Китае, где музыка считалась основой мироздания и была развита музыкальная терапия; при этом квинтовые строи предпочитали равномерно-темперированному строю, также известному там.

В общем случае, пифагорейскими называются строи, базирующиеся на отношении квинты, например, пентатоника, тетратоника и тритоника. Историческим фактом является то, что эти квинтовые строи использовались народами во всем мире задолго до Пифагора без знания каких-либо математических закономерностей в силу врожденной тяги к этим строям.

Квинтовые строи являются основой традиционной музыки китайцев, вьетнамцев, монголов, тюркских народов, империи инков и народов Южных Анд, Индии, Полинезии, Меланезии, индейцев разных территорий и др. (см. обзор в статьях докладчика).

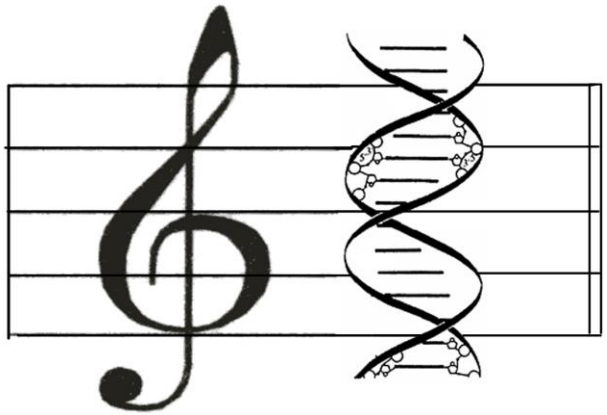
Гете утверждал, что «музыка – нечто целиком врожденное, нутряное».

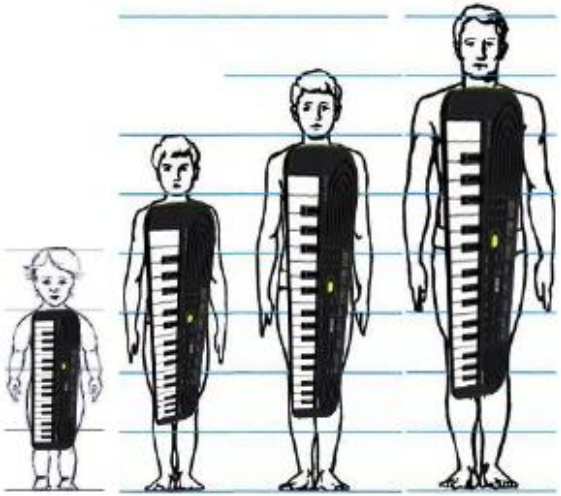
Факт врожденного сродства людей с квинтовыми строями вызывает вопрос о том, нет ли в генетической системе структурных особенностей, которые можно использовать для объяснения этого сродства? Докладчик обратил внимание на то, что в двойной спирали ДНК комплементарные нуклеотиды аденин A и тимин T сопряжены 2 водородными связями, а комплементарные гуанин G и цитозин C – 3 водородными связями. Поэтому вся цепь нуклеотидов однонитевой ДНК представима как последовательность цифр квинты 2 и 3 (типа 332232…).



В ДНК последовательности триплетов нуклеотидов (типа CAT-GTA-TTG-…) кодируют последовательности аминокислот в белках. Представляя каждый триплет как произведение чисел водородных связей его нуклеотидов (A=T=2, C=G=3), получаем, что каждый из триплетов представляется одним из следующих 4 чисел: 2*2*2, 2*2*3, 2*3*3, 3*3*3. Отношения между любой парой из этих 4 чисел равно квинте 3/2 в той или иной целой степени, что идентично квинтовым отношениям в пифагорейской тетратонике. Если рассматривать пары триплетов, то каждая из них представляется одним из 7 величин 2^6, 2^5*3, 2^4*3^2, 2^3*3^3, 2^2*3^4, $2*3^5$, 3^6. Отношения между любой парой из этих 7 чисел равно квинте 3/2 в той или иной целой степени, что идентично квинтовым отношениям в 7-ступенном пифагорейском строе.

Интересно, что молекулярная система генетического кодирования пронизана отношениями квинты 3/2 также по другим параметрам, например, по количествам атомов 9 и 6 в кольцах молекул нуклеотидов, и др. По каждому из этих видов параметров последовательности кодовых триплетов ДНК показывают сродство с квинтовыми музыкальными строями. В этой связи ДНК представима как квинтовое многоголосье (полифония).





<u>Дихотомии вероятностей в стохастической организации водородных связей 2 и 3 в геномных ДНК</u>.

Продолжим анализ последовательностей водородных связей в длинных геномных ДНК. Например, изучим однонитевую ДНК хромосомы человека №1, содержащую цепь из примерно **<u>250 миллионов нуклеотидов</u>**, что по объему текста эквивалентно сотням томов «Войны и мира» Л.Н.Толстого. Данные о ней и тысячах других геномных ДНК представлены в свободном доступе на сайте GenBank в следующем виде:

```
TCTGACCTGAGGAGAACTGTGCTCCGCCTTCAGAGTACCACCGAAATCTGTGCAGAGGACAACGCAGCTC
CGCCCTCGCGGTGCTCTCCGGGTCTGTGCTGAGGAGAACGCAACTCCGCCGTTGCAAAGGCGCGCCGCGC
CGGCGCAGGCGCAGAGAGGCGCGCCGCGCCGGCGCAGGCGCAGAGAGGCGCGCCGCGCCGGCGCAGGCGC
AGAGAGGCGCGCCGCGCCGGCGCAGGCGCAGAGAGGCGCGCCGCGCCGGCGCAGGCGCAGAGAGGCGCGC
CGCGCCGGCGCAGGCGCAGACACATGCTAGCGCGTCGGGGTGGAGGCGTGGCGCAGGCGCAGAGAGGCGC
GCCGCGCCGGCGCAGGCGCAGAGACACATGCTACCGCGTCCAGGGGTGGAGGCGTGGCGCAGGCGCAGAG
AGGCGCACCGCGCCGGCGCAGGCGCAGAGACACATGCTAGCGCGTCCAGGGGTGGAGGCGTGGCGCAGGC
GCAGAGACGCAAGCCTACGGGCGGGGGTTGGGGGGGCGTGTGTTGCAGGAGCAAAGTCGCACGGCGCCGG
GCTGGGGCGGGGGGAGGGTGGCGCCGTGCACGCGCAGAAACTCACGTCACGGTGGCGCGGCGCAGAGACG
```

Заменяя в такой последовательности A и T на 2, а C и G на 3, получаем бинарную последовательность из 250 миллионов цифр 2 и 3.

Для обнаружения скрытых в этой последовательности стохастических (вероятностных) закономерностей проанализируем ее по авторскому методу «стохастической матрешки», рассматривающей ее устройство как аналог устройства русских матрешек:

Рассмотрим сначала изучаемую бинарную последовательность вида 23322322… как последовательность одиночных цифр 2-3-3-2-2-.., в которой вычисляем процентное содержание цифр 2 и 3, т.е. %2 и %3.

Затем ту же последовательность рассматриваем как последовательность цифровых дуплетов 23-32-23-22… и вычисляем процент каждого из возможных видов дуплетов: %22, %23, % 32, %33.

Затем аналогично рассматриваем ту же последовательность как последовательность цифровых триплетов, тетраплетов, пентаплетов, …, вычисляя всякий раз проценты каждого из видов триплетов, тетраплетов и т.д.

Другими словами, мы рассматриваем данный цифровой текст ДНК как набор или матрешку многих параллельных цифровых текстов, каждый из которых написан на своем собственном алфавите n-плетов.

В результате для ДНК хромосомы человека №1 получаем таблицу процентов ее водородных связей 2 и 3 (проценты даны в долях единицы):

%2	%3
0,582757	0,417243

%22	%23	%32	%33
0,328129	0,254635	0,254622	0,162614

%222	%223	%232	%233	%322	%323	%332	%333
0,200289	0,127765	0,155746	0,098982	0,127812	0,126809	0,098968	0,063630

%2222	%2223	%2232	%2233	%2322	%2323	%2332	%2333
0,12754988	0,07278454	0,08176248	0,0460202	0,08159258	0,07408348	0,05981373	0,039135
%3222	%3223	%3232	%3233	%3322	%3323	%3332	%3333
0,072757	0,055044	0,073902	0,05294	0,046241	0,052734	0,039127	0,024518

%22222	%22223	%22232	%22233	%22322	%22323	%22332	%22333
0,0841722	0,0433358	0,047984	0,0247861	0,0455768	0,0361372	0,0295058	0,016538
%23222	%23223	%23232	%23233	%23322	%23323	%23332	%23333
0,0478955	0,0337308	0,0451478	0,0289408	0,0295923	0,0302517	0,0249346	0,014141
%32222	%32223	%32232	%32233	%32322	%32323	%32332	%32333
0,043374	0,0294667	0,0337435	0,0212295	0,0360132	0,0379457	0,0303232	0,0225501
%33222	%33223	%33232	%33233	%33322	%33323	%33332	%33333
0,0248969	0,0213263	0,0287649	0,0239821	0,0166674	0,02250250	0,01417871	0,01036468

Совершенно неожиданным оказалось, что в этих данных о стохастической организации ДНК между процентами n-плетов водородных связей из семейств с разными значениями ***n*** имеется **высокоточная дихотомическая** связь (при изученных значениях ***n*** = 1, 2, 3, 4, 5): процент любого ***n***-плета практически равен сумме процентов таких двух (***n***+1)-плетов, которые отличаются от него наличием суффиксов 2 и 3. Например:

%2=**0,58276** ≈ %22+%23=**0,58276**;

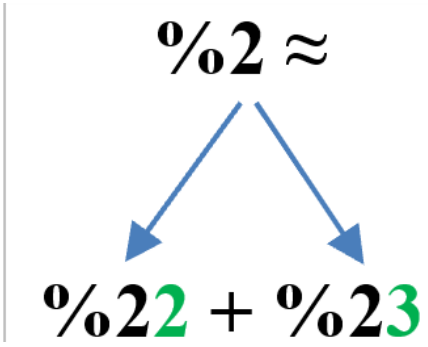
%3=**0,41724** ≈ %32+%33= **0,41724**;

%22=**0,3281** ≈ %222+%223=**0,3281**;

%32=**0,25462** ≈ %322+%333=**0,25462;**

%23=**0,2546** ≈ %232+%233 ≈ **0,2547**;

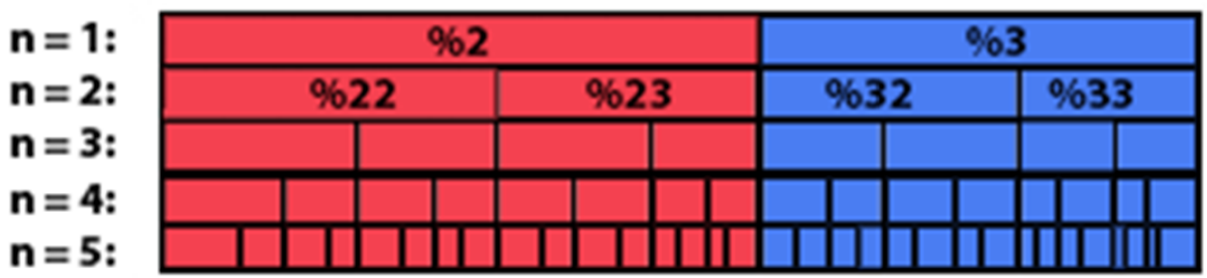
%33=**0,1626** ≈ %332+%333=**0,1626**; и т.д.

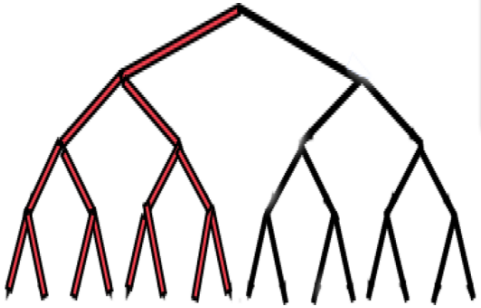


Точность равенств до 4- или 5-го знака после запятой.

Выполнение этого правила дихотомической взаимосвязи между процентами из соседних семейств n-плетов ведет к существованию фрактального дихотомическоого дерева вероятностей. В этом дереве каждый член является началом своего собственного дихотомического дерева.

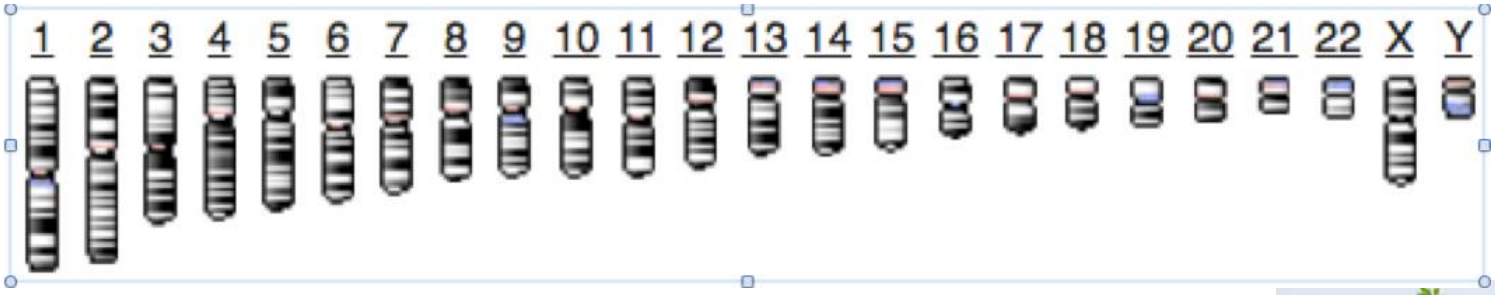
∑ %	Percentage of even H-*n*-plets starting with 2	Percentage of odd H-*n*-plets starting with 3	∑ %
0,58275	%2	%3	0,4172
0,58276	%23+%22	%33+%32	0,4172
0,58278	%233+%232+%223+%222	%333+%332+%323+%322	0,4172
0,58274	%2333+%2332+%2323+%2322 +%2233+%2232+%2223+%2222	%3333+%3332+%3323+%3322 +%3233+ %3232+%3223+%3222	0,4173
0,58267	%23333+%23332+%23323+%23322 +%23233+%23232+%23223+%23222 +%22333+%23332+%22323+%22322 +%22233+%22232+%22223+%22222	%33333+%33332+%33323+%33322 +%33233+%33232+%33223+%33222 +%32333+%32332+%32323+%32322 +%32233+%32232+%32223+%32222	0,4173





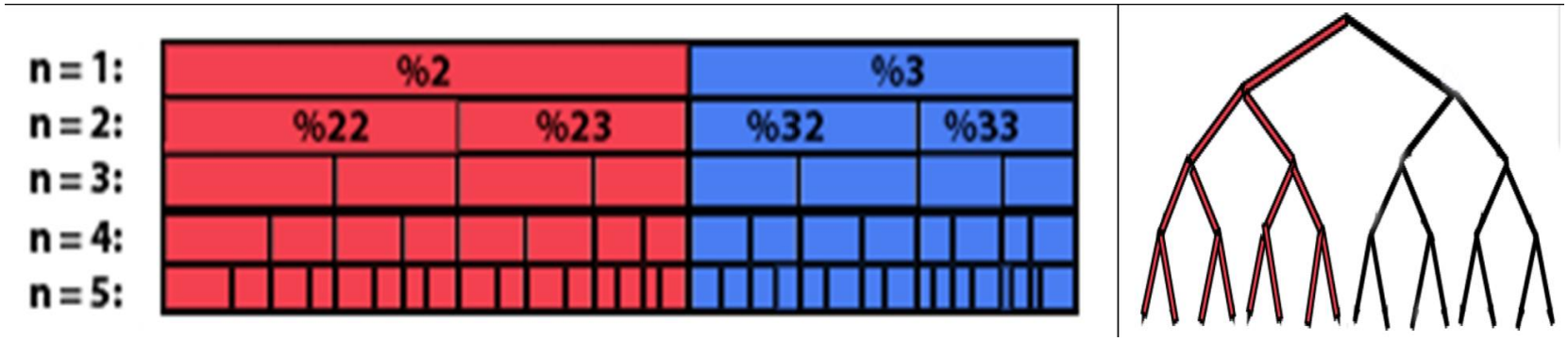
ГЕНОМЫ ЭУКАРИОТ И ПРОКАРИОТ

Это и другие обнаруженные правила стохастической организации последовательностей водородных связей 2 и 3 справедливы для всех уже исследованных в нашей лаборатории геномных ДНК:
- 1) всех 24 хромосом человека; 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.

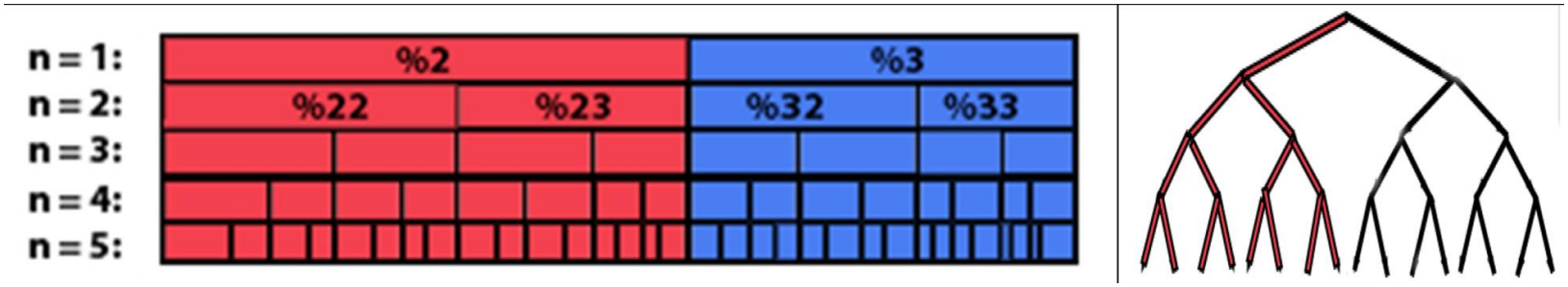


Данные универсальные правила геномных ДНК говорят о существовании нетривиальных алгебраических инвариантов **глобального** геномного характера, которые остаются неизменными на протяжении миллиардов лет эволюции, в ходе которой отмирают миллионы видов организмов и возникают новые (хотя **локально** геномные последовательности изменяются мутациями, прессом естественного отбора и пр.).

Дихотомии в биологических телах хорошо известны: бронхиальное дерево легких человека с его 23 уровнями дихотомий, дихотомические ветвления нейронных аксонов и дендритов, ветвления у растений, митоз соматических клеток, …. Полученная в информатике геномных ДНК асимметричная пара из левого и правого фрактальных деревьев вероятностей, связанная с четным и нечетным числами 2 и 3, ассоциируется с асимметричными полушариями головного мозга. Сквозная для биологии и культуры тема Инь-Ян (левое и правое, чет и нечет, женское и мужское) систематизирована в известной книге Иванова Вяч.Вс. «Чет и нечет. Асимметрия мозга и знаковых систем».



Но в геномных ДНК в отличие от телесных конструкций мы встречаемся с принципиально иным типом дихотомии: дихотомией стохастических (вероятностных) характеристик в информационных последовательностях ДНК. Обширные дихотомические фрактальные сети вероятностей геномных ДНК – это та информационная почва, из которой произрастают живые тела и генетический интеллект. **Вещественные структуры живых тел возникают не на пустом месте, а имеют структурные прототипы в закономерной бинарной системе многоуровневых генетических вероятностей**.



Выявление универсальных стохастических дихотомий в информатике геномов позволяет по-новому осмысливать явления дихотомий в биологических телах. Например, почему на протяжении миллиардов лет жизни на Земли бактерии размножаются дихотомическим делением тела именно на две половины? На какие структурно-энергетические основы опирается этот «вечный» дихотомический феномен размножения бактерий, который сопровождается сложнейшим процессом дихотомического разделения всей дихотомически организованной генетической информации?

Автор предлагает следующий ответ: существует скрытый от непосредственного восприятия мир семейств вероятностей, структурированных на основе бинарных оппозиций (типа Инь-Ян). Именно по образу и подобию бинарно организованных семейств вероятностей этого многомерного мира строятся генетически наследуемые биологические тела. Наши тела являются как бы одеждой, надетой на эти бинарно структурированные семейства вероятностей, выступающие прототипами биотел.

Это напоминает ситуацию с человеком-невидимкой из романа Г. Уэльса, невидимая фигура которого проявляется только при ношении им одежды. Это также напоминает древние представления о проявленном и непроявленном мирах и знаменитую аллегорию Платона о мире идей и тенях на стене пещеры, по которым люди, живущие в пещере, могут судить об истинном **скрытом мире идей**.

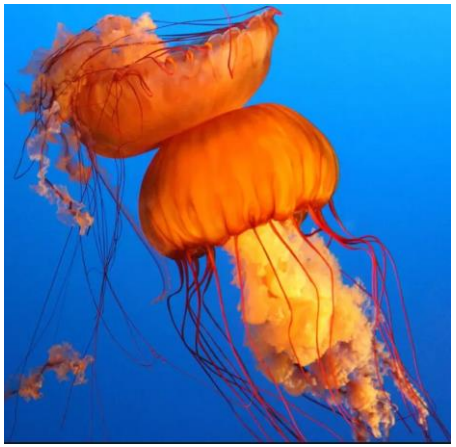
Автор полагает, что - помимо алгебры – важным инструментом для исследования этого скрытого мира является музыка с ее способностью вызывать слезы, ощущения мурашек по телу и пр. Возникающие физиологические эффекты, видимо, связаны с тем, что, наслаждаясь хорошей музыкой, мы соприкасаемся с пленительной гармонией этого скрытого мира, отраженной в устроении генетической системы с ее вечными правилами дихотомической бинарно-стохастической организации. Это же может объяснять феномены музыкальной терапии, влияния музыки на рост растений и биотехнологические процессы, а также врожденную склонность людей к музыке (так, во Франции найдена флейта, которой по меньшей мере 32 тысячи лет).

Знаменитая книга «Игра в бисер» Г. Гессе посвящена глубинной математической связи между предметами из разных областей науки и искусства, скрытно сопряженных друг с другом. Она говорит об искусстве сочинения метатекста, синтезе всех отраслей искусства в одно, универсальное искусство. По нашему мнению, представляемые исследования ведут к пониманию метатекстов, на которых строятся биологические тексты различной природы.

Мы все привыкли - по литературным текстам и строчной развертке сигналов в телевидении – к передаче информации в виде **одиночной** строки. Результативность метода стохастической матрешки при анализе геномных ДНК показывает, что **передача генетической информации опирается на принципиально иной способ развертки информации, использующий многоярусный пакет строк, стохастически взаимно связанных**. И метатексты могут строиться именно этим способом.

Такая многоярусная пакетная информатика отчасти напоминает многоголосье в музыке, пришедшее в ходе эволюции на смену одноголосью. Она напоминает также древние индийские музыкальные инструменты - ситар, сарод, саранги -, **имеющие помимо основных струн еще подложки из резонирующих струн**, что придает музыкальным произведениям на этих инструментах особое «многоярусное» звучание, которое иногда называют «звучанием из глубины веков».

Короткий доклад не вмещает множество других важных материалов, например, о ключевой роли водородных связей в строении белков и многих физиологических процессов. Именно водородные связи являются определяющими для свойств воды и льда. Медузы на 98% состоят из воды и представляют самый древний вид многоклеточных животных с богатейшим эволюционным многообразием и обилием жизненных функций. На водородных связях с участием солитонов в их цепях может строиться протосистема биологической регуляции.



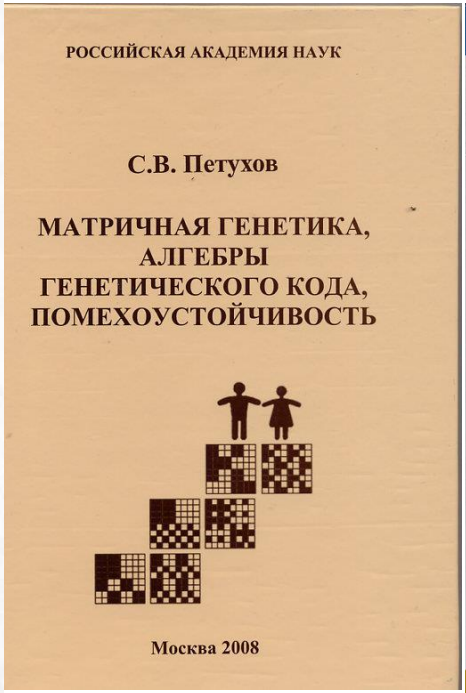
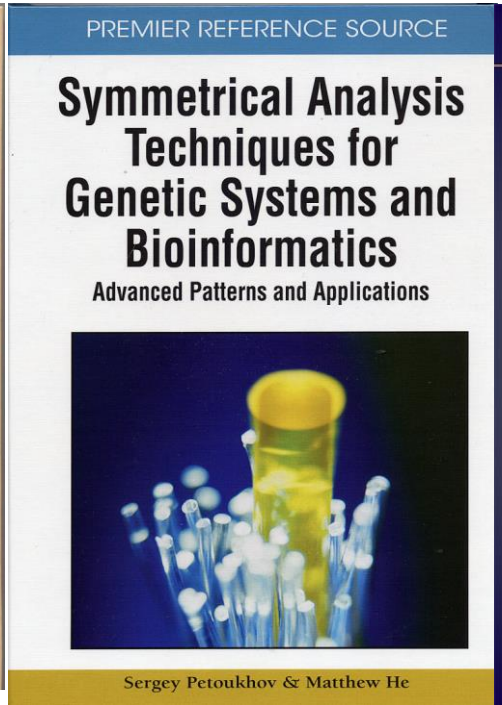
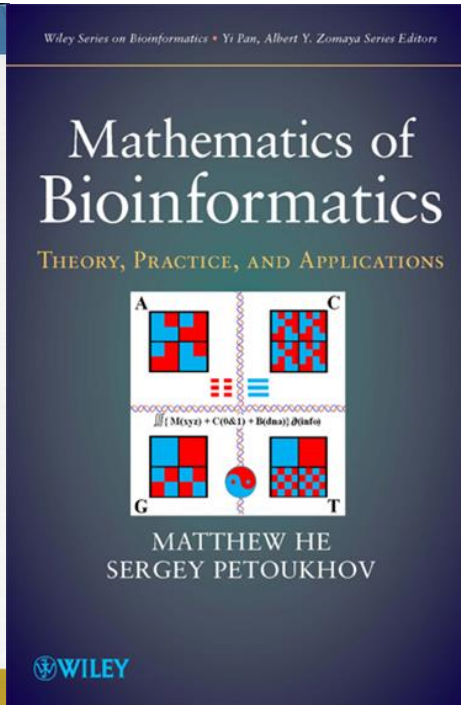
Вот так, стартуя от проблем музыкальной гармонии, можно прийти к глубочайшим универсальным секретам живой материи.

Представляемые исследования близки к цели **В.В. Налимова**: **построить вероятностную модель языка, а затем и сознания в целом**
[Налимов, 1979, 1989-1996]
(https://ru.wikipedia.org/wiki/Налимов,_Василий_Васильевич)

В.В. Налимов (1910-1997)

Рассмотренные в докладе квинтовые пифагорейские строи находятся в структурном родстве с новыми для музыкальной культуры **Фибоначчи-ступенными или пентаграммными строями**, которые расширяют традиционные музыкальные пространства для композиторов и исполнителей и позволяют создание произведений нового класса из сферы «генетической музыки». Эта структурная связь была обнаружена в матричной генетике, отметившей квадратичную связь семейства генетических квинтовых матриц водородных связей с так называемыми золотыми матрицами, все члены которых являются знаменитым в эстетике и биологии золотым сечением $f = (1+5^{0.5})/2 = 1{,}618\ldots$ в той или иной целой степени.

Эта обширная и важная тема неоднократно докладывалась и обсуждалась на музыкальных форумах, ей посвящен специальный сайт https://pentagramon.com/ и ряд публикаций. Краткость данного доклада не позволяет представить ее достойно широким образом.

Дополнительные материалы к докладу имеются в свободном доступе на сайте http://petoukhov.com/ .

Благодарю за внимание!