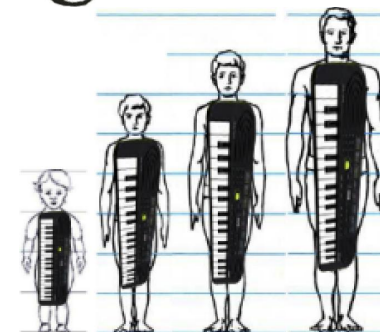
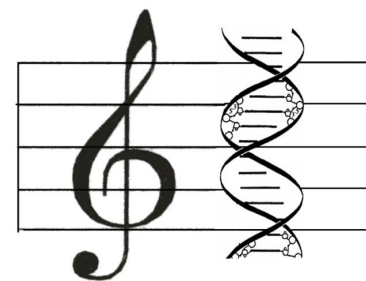
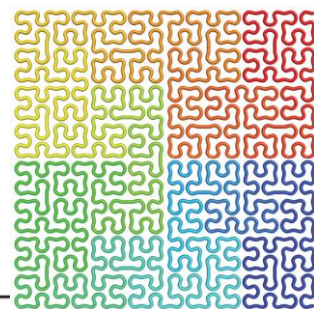
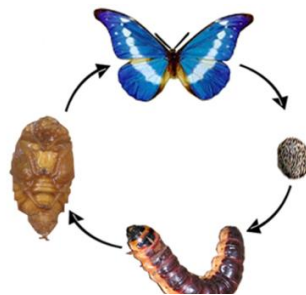


Циклическая физиология, циклические коды и алгебро-логические особенности системы генетического кодирования. Квантовая биоинформатика и древнеиндийская философия

Петухов С.В., д.ф.-м.н.

Руководитель лаборатории биомеханических систем,
Институт машиноведения РАН, г. Москва

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

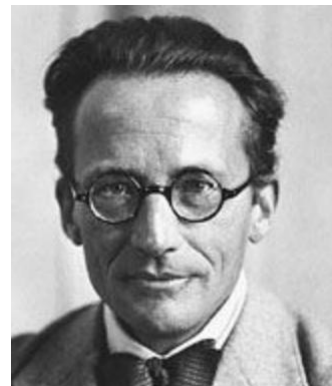


Этот доклад содержит следующие части:

- 1) организмы как набор унаследованных физиологических циклов; .
- 2) организмы как циклически кодированные циклические сущности, связанные с циклическими кодами Грея; .
- 3) ДНК-алфавиты и генетические матрицы Карно, связанные с булевой алгеброй логики; .
- 4) генетические матрицы водородных связей и их связь с музыкальной гармонией и универсальными правилами вероятностей в геномных ДНК; .
- 5) биоинформатика, массивы биоантенн и эволюция; .
- 6) коллективное алгебро-логическое сознание; .
- 7) древнеиндийская философия, генетическая информатика и шахматы. .

КЛЮЧЕВОЕ ОТЛИЧИЕ ЖИВОГО ОТ НЕЖИВОГО

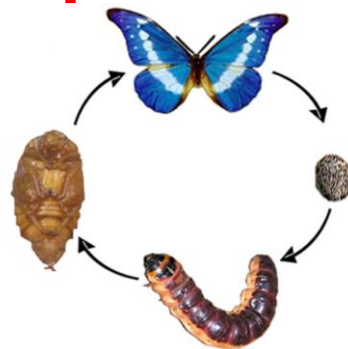
Создатели квантовой механики П.Йордан и Э.Шредингер указывали на **ключевое отличие** живых тел от неодушевленных: **неодушевленные объекты** управляются **средним случайным движением** их миллионов частиц и движение отдельных частиц не существенно для целого; **напротив, в живом организме избранные – генетические - молекулы обладают диктаторским влиянием на весь организм** за счет квантового усиления (см. историю «квантовой биологии», <https://doi.org/10.1098/rspa.2018.0674>). В этом докладе представлены результаты исследования автора структурной взаимосвязи генетической системы с циклическими и алгебро-логическими особенностями генетически наследуемых физиологических систем.



Живой организм является огромным хором генетически наследуемых и скоординированных циклических процессов. С древних времен хроно-медицина утверждала, что все заболевания являются результатом нарушения этой координации. Белки нашего тела вовлечены в непрерывные циклы «жизнь-смерть» их сборки и разборки на аминокислоты. Например, период полураспада гормонального инсулина около 8 минут. Другими словами, генетически наследуемые части нашего тела постоянно умирают и возрождаются. Учитывая это, известный физиолог А. Г. Гурвич утверждал: «Основной проблемой биологии является поддержание формы при постоянном обновлении субстрата» [Гурвич, 1977]. Затраты энергии на эти циклические события берутся из универсального источника энергии для всех биохимических процессов всех организмов на Земле: АТФ (аденозинтрифосфорная кислота). Время жизни одной АТФ молекулы у людей составляет менее 1 минуты. В течение дня одна АТФ молекула проходит в среднем 2000-3000 циклов ресинтеза (наше тело синтезирует около 40 кг АТФ в день).



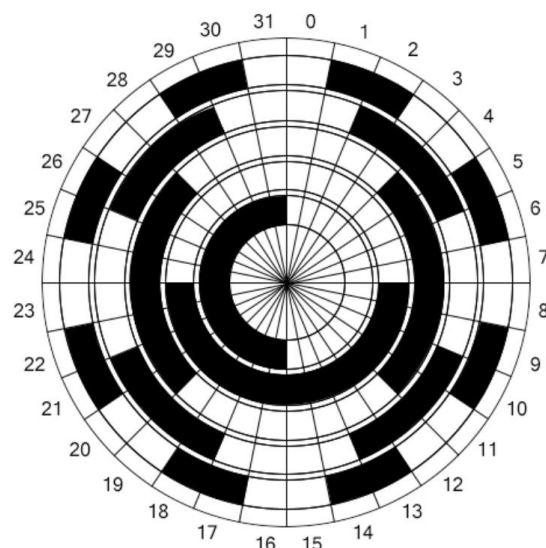
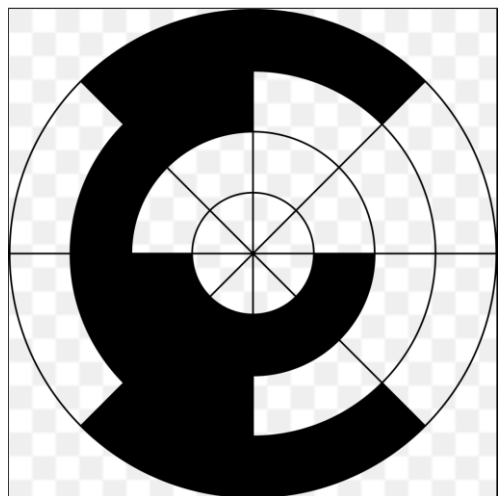
Другим показательным примером циклической организации является метаморфоз бабочек, состоящий из стадий бабочка-яйцо-гусеница-куколка-бабочка. Характерно, что никто не учит бабочку, как выбраться из куколки и начать летать, но она выбирается и начинает летать наследуемыми циклическими движениями крыльев. Все, что необходимо для этого, уже имеется в ее геномной кодовой информатике. **Многие такие факты позволяют полагать, что система генетического кодирования обеспечивает наследование кодированных циклических процессов в связи с тем, что она сама основана на некоторых циклических кодах.**



Но какой из многих типов циклических кодов, известных в математике, соответствует структурной организации системы генетического кода?

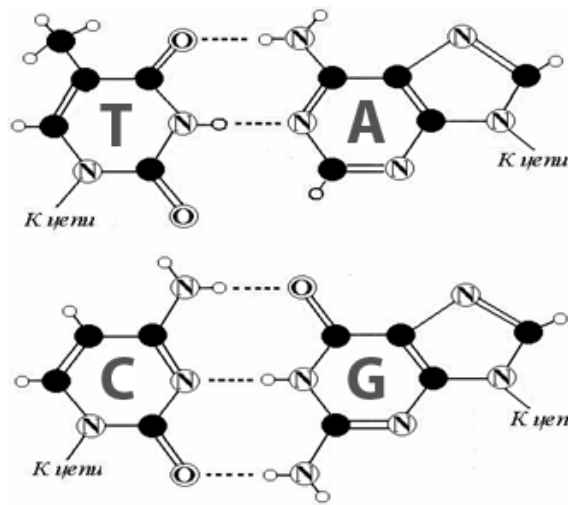
Мной получены свидетельства важной роли семейства циклических кодов Грея для моделирования системы генетического кодирования. Полученные результаты позволяют мне ввести следующий эффективный **модельный постулат: живые организмы являются циклически кодированными циклическими сущностями** (см. подробности в <https://doi.org/10.1016/j.biosystems.2024.105349>; <https://doi.org/10.20944/preprints202402.0713.v1>).

Двоичный код Грея порядка n представляет собой последовательность из 2^n n -битных чисел, в которой любые два соседних числа отличаются на одну цифру (расстояние Хэмминга между ними равно 1). Коды Грея разных порядков образуют иерархическую семью. Коды Грея широко используются в информатике для обеспечения помехоустойчивости и пр.



Числа в кодах Грея кардинально отличаются от двоичных чисел, хотя они также представлены последовательностью нулей и единиц. Например, десятичное число 3 в двоичном представлении есть 001, а в коде Грея представлено как 010.

ДЕСЯТИЧНОЕ	ДВОИЧНОЕ	КОД ГРЕЯ
0	000	000
1	001	001
2	010	011
3	011	010
4	100	110
5	101	111
6	110	101
7	111	100



В ДНК алфавит 4 нуклеотидов Т (тимин), А (аденин), С (цитозин), G (гуанин) является носителем системы трех бинарно-оппозиционных характеристик:

- 1) два из этих нуклеотидов являются пуринами (А и G), содержащими 2 кольца в молекуле, а два других (С и Т) – пиримидинами, содержащими 1 кольцо, что дает представление **С = Т = 0, А = G = 1**;
- 2) Два из этих нуклеотидов являются кето-молекулами (Т и G), а два других (С и А) - амино-молекулами, что дает представление **С = А = 0, Т = G = 1**.

В силу этого ДНК-алфавиты 4 букв, 16 дублетов и 64 триплетов представимы в форме квадратных таблиц, столбцы которых пронумерованы индикаторами «пиримидин или пурин» ($C = T = 0, A = G = 1$), а строки - индикаторами «амино или кето» ($C = A = 0, T = G = 1$).

В этих генетических таблицах ряды и столбцы пронумерованы упорядоченными числами n -битных кодов Грея, аналогично картам Карно, хорошо известным методом упрощения выражений в булевой алгебре логики. Такая нумерация применяется специально для поиска возможной связи системы генетического кода с алгеброй логики. В таких таблицах все моноплеты, дублеты и триплеты автоматически занимают строго индивидуальное место. Каждая ячейка в этих матрицах, а также n -плет в нем пронумерованы объединением кодового номера кода Грея их строки и столбца. Мы называем такие таблицы «**генетическими картами Карно**».

Здесь показано расположение 4 моноплетов, 16 дублетов и 64 триплетов в матрицах с нумерацией их столбцов и строк в соответствии с кодами Грея (десятичные эквиваленты чисел Грея приведены в скобках):

	0	1
0	C 00 (0)	A 01 (1)
1	T 10 (3)	G 11 (2)

	00 (0)	01 (1)	11 (2)	10 (3)
00	CC 0000 (0)	CA 0001 (1)	AA 0011 (2)	AC 0010 (3)
01	CT 0100 (7)	CG 0101 (6)	AG 0111 (5)	AT 0110 (4)
11	TT 1100 (8)	TG 1101 (9)	GG 1111 (10)	GT 1110 (11)
10	TC 1000 (15)	TA 1001 (14)	GA 1011 (13)	GC 1010 (12)

	000 (0)	001 (1)	011 (2)	010 (3)	110 (4)	111 (5)	101 (6)	100 (7)
000 (0)	CCC 000000 (0)	CCA 000001 (1)	CAA 000011 (2)	CAC 000010 (3)	AAC 000110 (4)	AAA 000111 (5)	ACA 000101 (6)	ACC 000100 (7)
001 (1)	CCT 001000 (15)	CCG 001001 (14)	CAG 001011 (13)	CAT 001010 (12)	AAT 001110 (11)	AAG 001111 (10)	ACG 001101 (9)	ACT 001100 (8)
011 (2)	CTT 011000 (16)	CTG 011001 (17)	CGG 011011 (18)	CGT 011010 (19)	AGT 011110 (20)	AGG 011111 (21)	ATG 011101 (22)	ATT 011100 (23)
010 (3)	CTC 010000 (31)	CTA 010001 (30)	CGA 010011 (29)	CGC 010010 (28)	AGC 010110 (27)	AGA 010111 (26)	ATA 010101 (25)	ATC 010100 (24)
110 (4)	TTC 110000 (32)	TTA 110001 (33)	TGA 110011 (34)	TGC 110010 (35)	GGC 110110 (36)	GGA 110111 (37)	GTA 110101 (38)	GTC 110100 (39)
111 (5)	TTT 111000 (47)	TTG 111001 (46)	TGG 111011 (45)	TGT 111010 (44)	GGT 111110 (43)	GGG 111111 (42)	GTG 111101 (41)	GTT 111100 (40)
101 (6)	TCT 101000 (48)	TCG 101001 (49)	TAG 101011 (50)	TAT 101010 (51)	GAT 101110 (52)	GAG 101111 (53)	GCG 101101 (54)	GCT 101100 (55)
100 (7)	TCC 100000 (63)	TCA 100001 (62)	TAA 100011 (61)	TAC 100010 (60)	GAC 100110 (59)	GAA 100111 (58)	GCA 100101 (57)	GCC 100100 (56)

Как аминокислоты и стоп-кодоны, кодируемые триплетами, расположены в матрице 64 триплетов, построенной таким образом? Это расположение не может быть предсказано, поскольку аминокислоты и нуклеотиды А, С, G, Т совершенно различны по структуре. Количество вариантов расположения аминокислот с их повторениями для заполнения всей (8*8)-матрицы необозримо: $\gg 10^{100}$ (для сравнения, в физике срок существования Вселенной оценивается всего в 10^{17} секунд). Будет ли это расположение хаотичным или вдруг окажется закономерно симметричным? На следующем рисунке показан случай генетического кода митохондрий позвоночных, который считается наиболее древним и симметричным среди диалектов генетического кода.

	000 (0)	001 (1)	011 (2)	010 (3)	110 (4)	111 (5)	101 (6)	100 (7)
000 (0)	CCC Pro 000000 (0)	CCA Pro 000001 (1)	CAA Gln 000011 (2)	CAC His 000010 (3)	AAC Asn 000110 (4)	AAA Lys 000111 (5)	ACA Thr 000101 (6)	ACC Thr 000100 (7)
001 (1)	CCT Pro 001000 (15)	CCG Pro 001001 (14)	CAG Gln 001011 (13)	CAT His 001010 (12)	AAT Asn 001110 (11)	AAG Lys 001111 (10)	ACG Thr 001101 (9)	ACT Thr 001100 (8)
011 (2)	CTT Leu 011000 (16)	CTG Leu 011001 (17)	CGG Arg 011011 (18)	CGT Arg 011010 (19)	AGT Ser 011110 (20)	AGG Stop 011111 (21)	ATG Met 011101 (22)	ATT Ile 011100 (23)
010 (3)	CTC Leu 010000 (31)	CTA Leu 010001 (30)	CGA Arg 010011 (29)	CGC Arg 010010 (28)	AGC Ser 010110 (27)	AGA Stop 010111 (26)	ATA Met 010101 (25)	ATC Ile 010100 (24)
110 (4)	TTC Phe 110000 (32)	TTA Leu 110001 (33)	TGA Trp 110011 (34)	TGC Cys 110010 (35)	GGC Gly 110110 (36)	GGA Gly 110111 (37)	GTA Val 110101 (38)	GTC Val 110100 (39)
111 (5)	TTT Phe 111000 (47)	TTG Leu 111001 (46)	TGG Trp 111011 (45)	TGT Cys 111010 (44)	GGT Gly 111110 (43)	GGG Gly 111111 (42)	GTG Val 111101 (41)	GTT Val 111100 (40)
101 (6)	TCT Ser 101000 (48)	TCG Ser 101001 (49)	TAG Stop 101011 (50)	TAT Tyr 101010 (51)	GAT Asp 101110 (52)	GAG Glu 101111 (53)	GCG Ala 101101 (54)	GCT Ala 101100 (55)
100 (7)	TCC Ser 100000 (63)	TCA Ser 100001 (62)	TAA Stop 100011 (61)	TAC Tyr 100010 (60)	GAC Asp 100110 (59)	GAA Glu 100111 (58)	GCA Ala 100101 (57)	GCC Ala 100100 (56)

Оказывается, что из океана возможностей природа выбрала регулярный и симметричный вариант повторения и расположения аминокислот и стоп-кодонов в этой матрице 64 триплетов. Показанная матрица кодируемых аминокислот и стоп-кодонов состоит из пар смежных строк 0-1, 2-3, 4-5, 6-7, идентичных по аминокислотам и стоп-кодонам, показанных цветом. Например, строки 0 и 1 содержат одинаковый состав и расположение красных аминокислот **Pro, Gln, His, Asn, Lys, Thr**.

	000 (0)	001 (1)	011 (2)	010 (3)	110 (4)	111 (5)	101 (6)	100 (7)
000 (0)	CCC Pro	CCA Pro	CAA Gln	CAC His	AAC Asn	AAA Lys	ACA Thr	ACC Thr
001 (1)	CCT Pro	CCG Pro	CAG Gln	CAT His	AAT Asn	AAG Lys	ACG Thr	ACT Thr
011 (2)	CTT Leu	CTG Leu	CGG Arg	CGT Arg	AGT Ser	AGG Stop	ATG Met	ATT Ile
010 (3)	CTC Leu	CTA Leu	CGA Arg	CGC Arg	AGC Ser	AGA Stop	ATA Met	ATC Ile
110 (4)	TTC Phe	TTA Leu	TGA Trp	TGC Cys	GGC Gly	GGA Gly	GTA Val	GTC Val
111 (5)	TTT Phe	TTG Leu	TGG Trp	TGT Cys	GGT Gly	GGG Gly	GTG Val	GTT Val
101 (6)	TCT Ser	TCG Ser	TAG Stop	TAT Tyr	GAT Asp	GAG Glu	GCG Ala	GCT Ala
100 (7)	TCC Ser	TCA Ser	TAA Stop	TAC Tyr	GAC Asp	GAA Glu	GCA Ala	GCC Ala

Строки в каждой из указанных пар 0-1, 2-3, 4-5, 6-7 с повторением в них аминокислот и стоп-кодонов отличаются тем, что последовательность 6-битных номеров их 16 ячеек образует циклическую последовательность с единичным расстоянием Хэмминга между соседними ячейками, если читать бинарные номера Грея ячеек в верхней из двух строк слева направо, а номера ячеек второй строки — наоборот справа налево.

	000 (0)	001 (1)	011 (2)	010 (3)	110 (4)	111 (5)	101 (6)	100 (7)
000 (0)	CCC Pro 000000 (0)	CCA Pro 000001 (1)	CAA Gln 000011 (2)	CAC His 000010 (3)	AAC Asn 000110 (4)	AAA Lys 000111 (5)	ACA Thr 000101 (6)	ACC Thr 000100 (7)
001 (1)	CCT Pro 001000 (15)	CCG Pro 001001 (14)	CAG Gln 001011 (13)	CAT His 001010 (12)	AAT Asn 001110 (11)	AAG Lys 001111 (10)	ACG Thr 001101 (9)	ACT Thr 001100 (8)
011 (2)	CTT Leu 011000 (16)	CTG Leu 011001 (17)	CGG Arg 011011 (18)	CGT Arg 011010 (19)	AGT Ser 011110 (20)	AGG Stop 011111 (21)	ATG Met 011101 (22)	ATT Ile 011100 (23)
010 (3)	CTC Leu 010000 (31)	CTA Leu 010001 (30)	CGA Arg 010011 (29)	CGC Arg 010010 (28)	AGC Ser 010110 (27)	AGA Stop 010111 (26)	ATA Met 010101 (25)	ATC Ile 010100 (24)
110 (4)	TTC Phe 110000 (32)	TTA Leu 110001 (33)	TGA Trp 110011 (34)	TGC Cys 110010 (35)	GGC Gly 110110 (36)	GGA Gly 110111 (37)	GTA Val 110101 (38)	GTC Val 110100 (39)
111 (5)	TTT Phe 111000 (47)	TTG Leu 111001 (46)	TGG Trp 111011 (45)	TGT Cys 111010 (44)	GGT Gly 111110 (43)	GGG Gly 111111 (42)	GTG Val 111101 (41)	GTT Val 111100 (40)
101 (6)	TCT Ser 101000 (48)	TCG Ser 101001 (49)	TAG Stop 101011 (50)	TAT Tyr 101010 (51)	GAT Asp 101110 (52)	GAG Glu 101111 (53)	GCG Ala 101101 (54)	GCT Ala 101100 (55)
100 (7)	TCC Ser 100000 (63)	TCA Ser 100001 (62)	TAA Stop 100011 (61)	TAC Tyr 100010 (60)	GAC Asp 100110 (59)	GAA Glu 100111 (58)	GCA Ala 100101 (57)	GCC Ala 100100 (56)

Ячейки в картах Карно известны как минтермы, а каждое значение ячейки представляет собой соответствующее выходное значение булевой функции. Представленные генетические факты представляют один из примеров связи ДНК-алфавитов n-плетов с системами булевых функций.

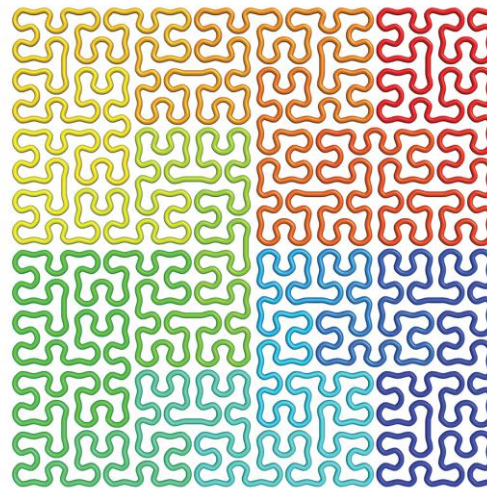
Взаимная замена двоичных символов $0 \leftrightarrow 1$ в последовательности кода Грея (операция комплементарности) порождает комплементарную циклическую последовательность со смещенным порядком членов и единичным расстоянием Хэмминга между соседними членами. Применение этой операции комплементарности к новой последовательности порождает исходный код Грея, что ассоциируется со свойством самодублирования и размножения ДНК:

Example of initial Gray code:	000-001-011-010-110-111-101-100
Its complementary Gray code:	111-110-100-101-001-000-010-011

На основе аналогий между структурными свойствами системы генетического кода и кодами Грея мной разрабатывается семейство моделей циклической генетической биомеханики с использованием принципов симметрии и **моего модельного постулата: живые организмы представляют собой циклически кодированные циклические сущности.**

В частности, в этих моделях используется известный факт, что коды Грея тесно связаны с **фрактальной кривой Гильберта**, которая позволяет «дискретизировать» любое пространство, создавая в нем удобную систему координат. Это относится к проблеме того, как генетическая информация, записанная на одномерных цепях ДНК, определяет трехмерную морфологию живых организмов. Важно, что пространственная упаковка хроматина в геноме оказывается соответствующей кривой Гильберта, которая является его полимерной фрактальной 3D-глобулой, изображенной на обложке журнала «Science» (том 326, 5950, 2009).

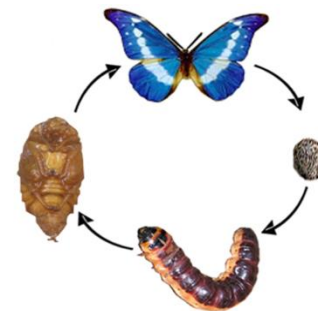
9 October 2009 | 510
Science



Следует еще добавить, что коды Грея тесно связаны с функциями Уолша, секвентным анализом Хармута и спектральной логикой, которые широко используются в информационных и других технологиях: логической голографии на функциях Уолша [Морита, Сакурай, 1973], антеннах Уолша, диадических часах и многие другие примеры (см. [Сороко, Успехи физических наук, 1979, т. 129, вып. 10]). Эти связи полезны для разработки новых подходов к моделированию наследственных физиологических и генетических явлений и для разработки новых систем искусственного интеллекта.

На этом пути получены данные о том, что последовательности нуклеотидов ДНК кодируют не только последовательности аминокислот в белках, но и наследуемые логические связи («гено-логическое» кодирование). Эти данные свидетельствуют о том, что в системе генетического кода существуют **два различных типа кода**: 1) общеизвестный триплетный код аминокислотных последовательностей; 2) **n-плетный код булевых функций**, указываемый мной.

Учет генетического булева кода позволяет глубже понять врожденную способность бабочки выходить из куколки и начинать летать, что невозможно без логической координации миллионов ее нейронов и мышечных единиц. Известно, что *«Без математической логики теряют всякую почву дискуссии о том, может ли машина мыслить, и становится бессодержательной актуальная проблема создания искусственного интеллекта»* [Яглом И.М. Булева структура и ее модели. М, Сов.Радио, 1980].



Обнаружение структурных связей между системой генетического кодирования и алгеброй логики заставляет вспомнить основателя математической логики **Джорджа Буля и его книгу «Исследование законов мышления, на которых основаны математические теории логики и вероятности» (1854).** Математическая логика, предложенная Булем, десятилетиями считалась бесполезной для практики, но сейчас на ней основаны компьютерные технологии, Интернет, схемы искусственного интеллекта и т. д. Будущее алгебраической биологии, по нашему мнению, также связано с творением Буля.



Дж. Буль (1815-1864)

Водородные связи и генетические матрицы Карно

Водородные связи являются важнейшим типом химических связей для живых существ. Водородные связи определяют формирование клеточных мембран, спиральность биоструктур и многие физиологические процессы. Водородные связи определяют многие свойства воды, которая является важным компонентом всех биотел. Биологическое значение свойств систем водородных связей иллюстрируется примером медуз. Они на 98% состоят из воды (образно говоря, это мешки водородных связей), но при этом представляют собой древнейший вид многоклеточных животных с богатым эволюционным разнообразием и обилием жизненных функций.



В ДНК два комплементарных нуклеотида А и Т соединяются 2 водородными связями, а два других комплементарных нуклеотида С и G соединяются 3 водородными связями. Это дает «водородное представление» нуклеотидов: $A=T=2$ и $C=G=3$. Рассмотрим семейство упомянутых генетических матриц Карно ($2^n \cdot 2^n$) нуклеотидов, где каждый из нуклеотидов заменен его числом водородных связей, а каждый из n -плетов заменен произведением водородных связей его нуклеотидов (так, триплет САG представлен $3 \cdot 2 \cdot 3$).

		0	1
0	C	A	
1	T	G	

;

		0	1
0	3	2	
1	2	3	

Q1=

	00	01	11	10
00	CC	CA	AA	AC
01	CT	CG	AG	AT
11	TT	TG	GG	GT
10	TC	TA	GA	GC

;

	00	01	11	10
00	3·3	3·2	2·2	2·3
01	3·2	3·3	2·3	2·2
11	2·2	2·3	3·3	3·2
10	2·3	2·2	3·2	3·3

Q2=

		0	1	
Q1=	0	3	2	;
	1	2	3	

	00	01	11	10	
Q2=	00	3·3	3·2	2·2	2·3
	01	3·2	3·3	2·3	2·2
	11	2·2	2·3	3·3	3·2
	10	2·3	2·2	3·2	3·3

Отношение $3/2$ известно в теории музыкальной гармонии под названием квинты. На отношении квинты $3/2$ построены пифагорейские музыкальные системы. В Древнем Китае числа 2 и 3 считались числами Земли и Неба, а также женскими (Инь) и мужскими (Ян) числами соответственно. Древние греки, вслед за древними китайцами, приписывали музыкальной гармонии ключевую роль в устройстве мира и считали 3 и 2 мужскими и женскими числами, взаимодействие которых порождает музыкальные тона.

По традиции, пифагорейским называется любой строй, основанный на отношениях квинты $3/2$ и октавы $2/1$. Примерами таких строев являются пентатоника, тетратоника и тритоника. Известно, что эти квинтовые строи использовались разными народами по всему миру задолго до Пифагора без всякого знания математических законов из-за врожденного влечения к этим строям (см. обзор в [Petoukhov, He, 2023, Глава 13]).



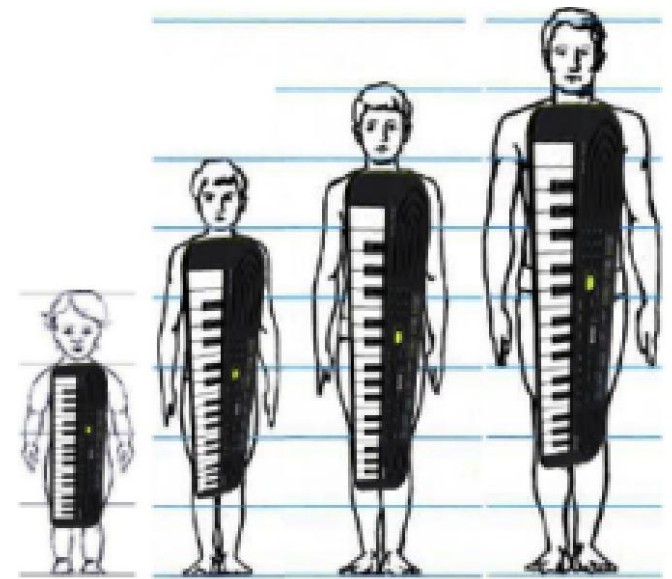
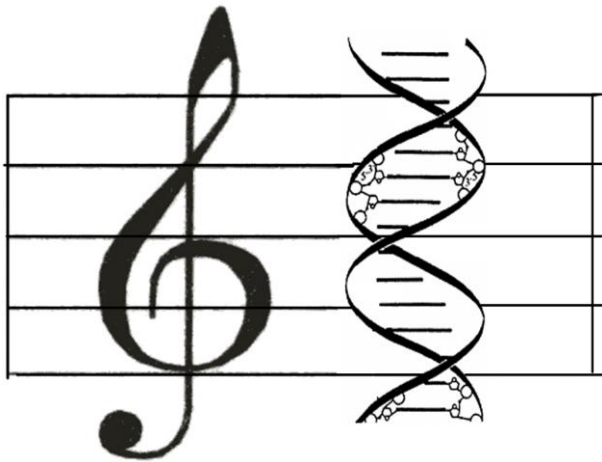
		0	1	
Q1=	0	3	2	;
	1	2	3	

		00	01	11	10
Q2=	00	3·3	3·2	2·2	2·3
	01	3·2	3·3	2·3	2·2
	11	2·2	2·3	3·3	3·2
	10	2·3	2·2	3·2	3·3

Описанные выше генетические матрицы Q1 и Q2 водородных связей нуклеотидов называются квинтовыми, поскольку отношение между числами любых двух ячеек в каждой матрице равно квинте $3/2$ в целой степени. Аналогичным образом из нуклеотидных $(2^n \cdot 2^n)$ -матриц Карно формируются числовые квинтовые $(2^n \cdot 2^n)$ -матрицы водородных n-плетов для $n = 3, 4, 5, \dots$. Они используются для матричного построения многоступенчатых пифагорейских квинтовых систем, выявляя структурную связь молекулярно-генетической системы с врожденным тяготением народов всего мира на протяжении тысячелетий к квинтовым музыкальным системам.

И. В. Гете утверждал: «Музыка есть нечто совершенно врожденное, инстинктивное».

Г. Лейбниц заявлял, что музыка является арифметикой души, которая вычисляет, сама того не сознавая.



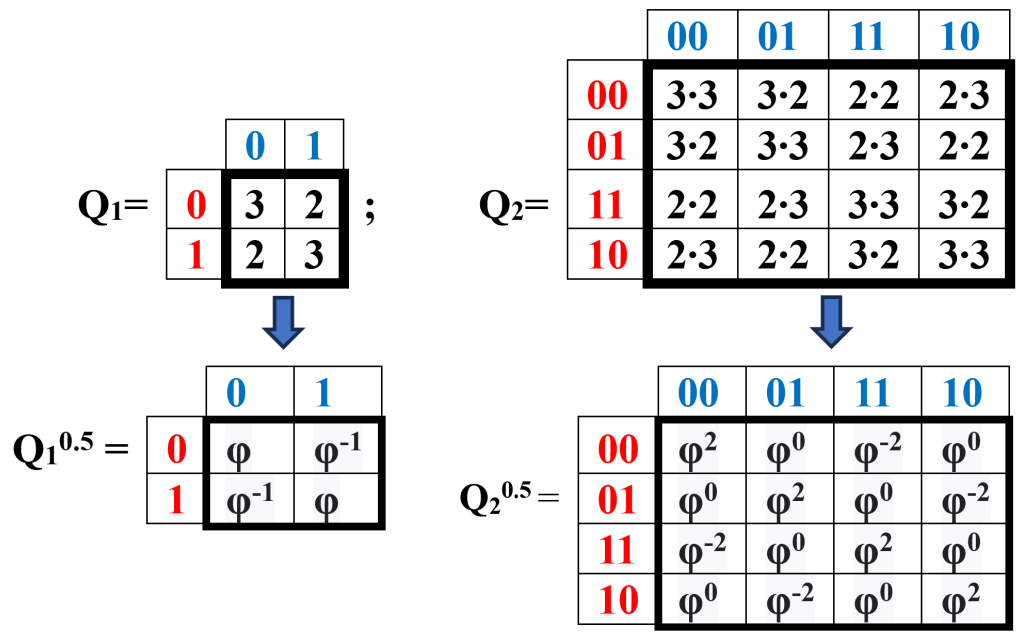
Квинтовые матрицы Карно для ДНК водородных связей оказываются удивительно связанными со знаменитым золотым сечением $\varphi = (1+5^{0.5})/2 = 1.618\dots$. Извлечение квадратного корня из этих генетических квинтовых матриц порождает «золотые» матрицы Карно, каждый член которых с абсолютной точностью равен золотому сечению φ в целой степени.

$$Q_1 = \begin{array}{c|cc} & \mathbf{0} & \mathbf{1} \\ \hline \mathbf{0} & \mathbf{3} & \mathbf{2} \\ \mathbf{1} & \mathbf{2} & \mathbf{3} \end{array};$$

$$Q_1^{0.5} = \begin{array}{c|cc} & \mathbf{0} & \mathbf{1} \\ \hline \mathbf{0} & \varphi & \varphi^{-1} \\ \mathbf{1} & \varphi^{-1} & \varphi \end{array}$$

$$Q_2 = \begin{array}{c|cccc} & \mathbf{00} & \mathbf{01} & \mathbf{11} & \mathbf{10} \\ \hline \mathbf{00} & \mathbf{3\cdot3} & \mathbf{3\cdot2} & \mathbf{2\cdot2} & \mathbf{2\cdot3} \\ \mathbf{01} & \mathbf{3\cdot2} & \mathbf{3\cdot3} & \mathbf{2\cdot3} & \mathbf{2\cdot2} \\ \mathbf{11} & \mathbf{2\cdot2} & \mathbf{2\cdot3} & \mathbf{3\cdot3} & \mathbf{3\cdot2} \\ \mathbf{10} & \mathbf{2\cdot3} & \mathbf{2\cdot2} & \mathbf{3\cdot2} & \mathbf{3\cdot3} \end{array}$$

$$Q_2^{0.5} = \begin{array}{c|cccc} & \mathbf{00} & \mathbf{01} & \mathbf{11} & \mathbf{10} \\ \hline \mathbf{00} & \varphi^2 & \varphi^0 & \varphi^{-2} & \varphi^0 \\ \mathbf{01} & \varphi^0 & \varphi^2 & \varphi^0 & \varphi^{-2} \\ \mathbf{11} & \varphi^{-2} & \varphi^0 & \varphi^2 & \varphi^0 \\ \mathbf{10} & \varphi^0 & \varphi^{-2} & \varphi^0 & \varphi^2 \end{array}$$



Золотое сечение («божественная пропорция») φ на протяжении веков является математическим символом самовоспроизведения (Леонардо да Винчи, И. Кеплер и др.). Оно давно используется в эстетике пропорций, теории кодирования и оптимизации. Пропорция золотого сечения отмечена многими авторами в различных физиологических системах: сердечно-сосудистой, дыхательной, электрической активности мозга и др. Открытие связи золотого сечения с генетическими матрицами свидетельствует в пользу молекулярно-генетических корней этих физиологических явлений.

С алгебраической точки зрения эти генетические ($2^n \cdot 2^n$) матрицы Карно водородных связей являются матричными представлениями многомерных гиперболических (или двойных) чисел, широко используемых в теоретической физике, информатике и т. д. [Петухов, 2008; Petoukhov, He, 2023]. Но гиперболические числа важны также для алгебраической биологии, что мы проиллюстрируем на примере основного психофизиологического закона Вебера-Фехнера. Этот закон говорит об универсальности алгебраических принципов обработки сенсорной информации. Наши органы чувств (слух, зрение, осязание, обоняние, вкус и т. д.) отличаются друг от друга по своей биохимической, клеточной и структурной реализации.



From an algebraic point of view, these genetic $(2n \cdot 2n)$ Karnaugh matrices of hydrogen bonds are matrix representations of multidimensional hyperbolic (or double) numbers, widely used in theoretical physics, computer science, etc. [Petoukhov, 2008; Petoukhov, He, 2023]. But hyperbolic numbers are also important for algebraic biology, which we illustrate with an example of the basic psychophysiological Weber-Fechner law. This law speaks of the universality of algebraic principles of sensory information processing. Our sense organs (hearing, sight, touch, smell, taste, etc.) differ from each other in their biochemical, cellular and structural implementation.



Но работа всех этих очень разных органов чувств подчиняется одному и тому же закону Вебера-Фехнера: интенсивность ощущения линейно зависит от логарифма интенсивности раздражителя V :

$$p = k * \ln(V/V_0),$$

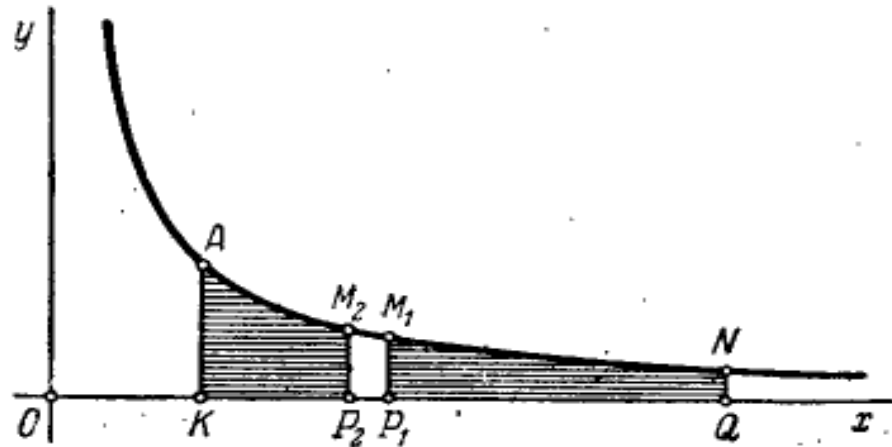
где V_0 обозначает порог восприятия, k – коэффициент пропорциональности для данного сенсорного канала. (В технике этот закон привел к логарифмической шкале децибел для мощности звука).



$$P = k * \ln(V/V_0)$$

Но геометрическая теория натуральных логарифмов основана на гиперболических поворотах, задаваемых **2-мерными гиперболическими числами** (поэтому натуральные логарифмы — в начале своей истории — назывались гиперболическими логарифмами, поскольку они соответствуют площадям под гиперболой). Упомянутые матрично-алгебраические свойства системы генетического кода дают соответствующие инструменты для моделирования логарифмического закона Вебера-Фехнера [Petoukhov, He, 2023].

$$p = k \cdot \ln(V/V_0).$$



Логарифмический закон Вебера-Фехнера относится далеко не только к нервной системе, которая в биологической эволюции возникла совсем недавно. Этот генетически наследуемый «закон применим к хемотропным, гелиотропным и геотропным движениям бактерий и грибов, папоротниковых антерозоидов, мхов и явнобрачных... Закон Вебера-Фехнера, таким образом, не есть закон нервной системы и центров, а закон протоплазмы вообще и ее способности реагировать на раздражения» [Э.Шульц, 1916, в книге «Организм как творчество»].

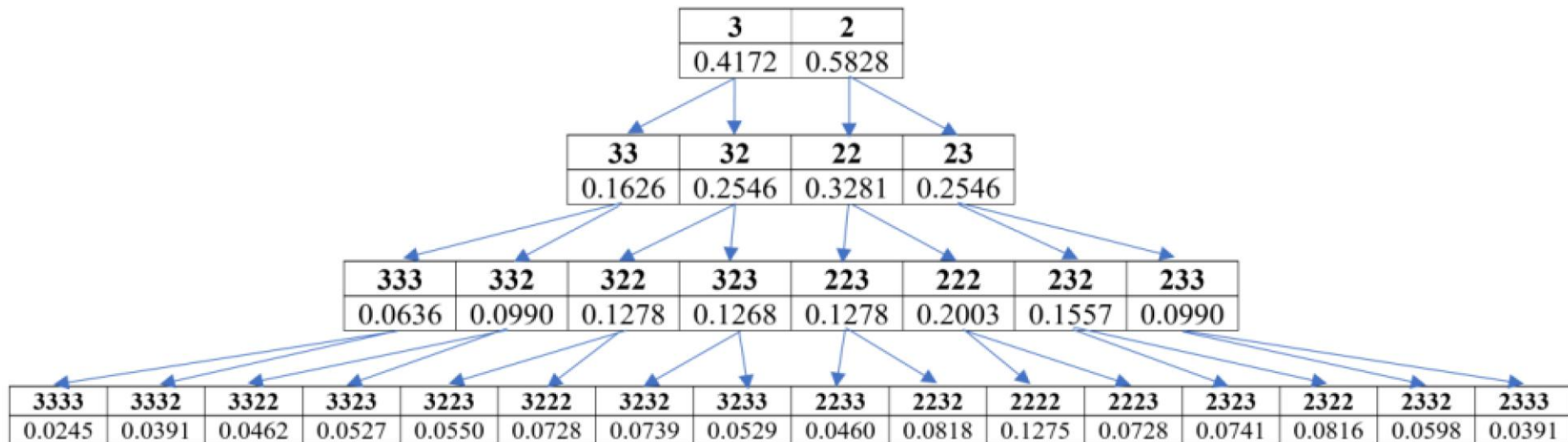
Водородные связи в статистике геномных ДНК

Оказывается, что распределение нуклеотидов с 2 и 3 водородными связями в одноцепочечных геномных ДНК высших и низших организмов подчиняется универсальному правилу дихотомического фрактала вероятностей. Поясним это. Представим геномную последовательность из 4 нуклеотидов С, G, А, Т (ее фрагмент показан на рисунке из GenBank) как бинарную последовательность, в которой нуклеотиды С и G (наделенные 3 водородными связями) обозначены символом 3, а нуклеотиды А и Т (наделенные 2 водородными связями) обозначены символом 2. Тогда, например, последовательность ТСАGGТА... превратится в бинарную последовательность 2323322... .

```
TCTGACCTGAGGAGAACTGTGCTCCGCCTTCAGAGTACCACCGAAATCTGTGCAGAGGACAACGCAGCTC  
CGCCCTCGCGGTGCTCTCCGGGTCTGTGCTGAGGAGAACGCAACTCCGCCGTTGCAAAGGCGCGCCGCGC  
CGGCGCAGGCGCAGAGAGGGCGCGCCGCGCCGGCGCAGGCGCAGAGAGGGCGCGCCGCGCCGGCGCAGGCGC  
AGAGAGGGCGCGCCGCGCCGGCGCAGGCGCAGAGAGGGCGCGCCGCGCCGGCGCAGGCGCAGAGAGGGCGCGC
```

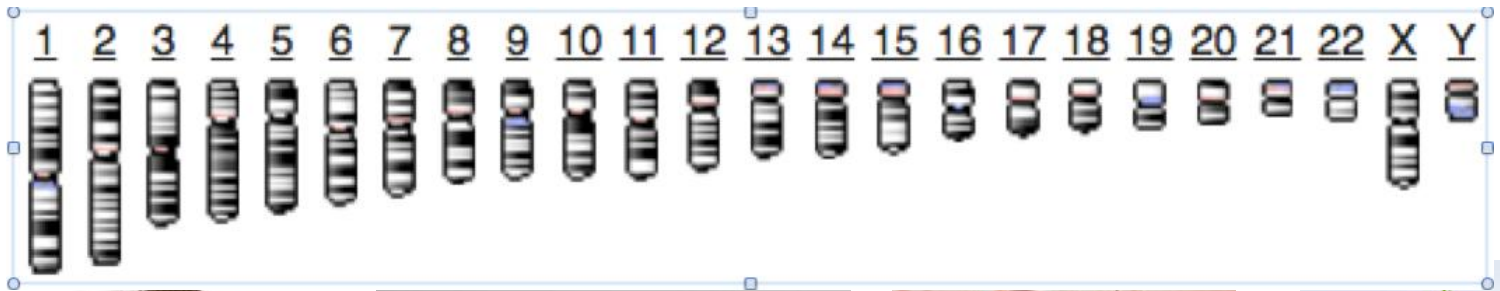
При статистическом анализе такая геномная бинарная последовательность сначала рассматривается нами как текст из одиночных символов 3 и 2 с подсчетом процента (вероятности) каждого из этих двух символов %3 и %2. Затем та же самая бинарная последовательность рассматривается как текст из бинарных дуплетов 33, 32, 23, 22 с подсчетом вероятности каждого из этих 4 типов бинарных дуплетов %33, %32, %23, %22. Затем аналогично та же самая бинарная последовательность представляется в виде текстов триплетов, тетраплетов и т.д. с подсчетом каждый раз процентов каждого из 64 типов бинарных триплетов (%333, %332, ...), каждого из 256 типов бинарных тетраплетов (%3333, %3332, ...) и т.д. Таким образом, нуклеотидная последовательность каждой геномной ДНК рассматривается как многослойная система множества n-плетов водородных связей (мной обычно анализировались случаи $n = 1, 2, 3, 4$). Оказывается, эти вероятности n-плетов в разных текстах n-плетов неожиданно взаимосвязаны и образуют дихотомическое фрактальное дерево вероятностей водородных связей.

Правило дихотомических фрактальных деревьев вероятностей n-плетов водородных связей: в геномных одноцепочечных ДНК вероятность каждого n-плета в соответствующем ее n-плетном тексте практически равна сумме вероятностей тех двух (n+1)-плетов в (n+1)-тексте, обозначения которых отличаются от обозначения рассматриваемого n-плета добавленными суффиксами 3 и 2. Например, на представленном рисунке для вероятностей n-плетов ДНК хромосомы №1 человека вероятность дуплета 32 ($\%32 = \underline{0,2546}$) совпадает с суммой вероятностей двух триплетов 322 и 323 ($\%322 + \%323 = 0.1278 + 0.1268 = \underline{0.2546}$).

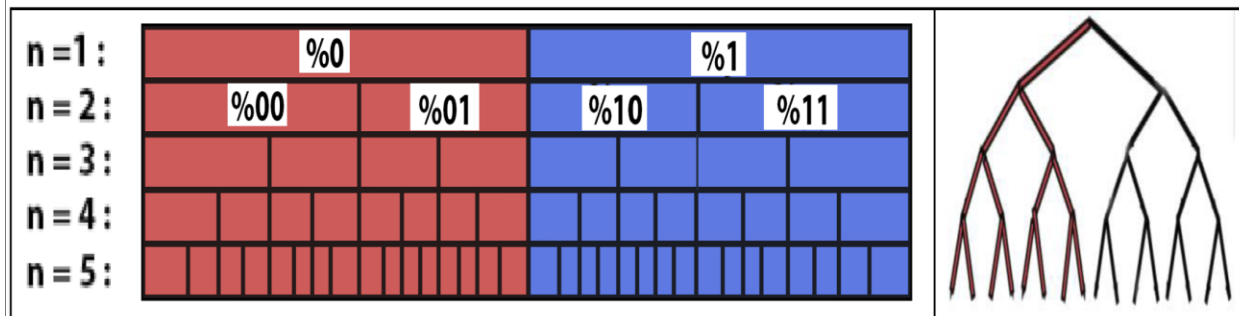


Это и другие открытые и опубликованные универсальные правила (или архетипы) статистической организации нуклеотидных последовательностей в геномных ДНК справедливы для всех геномных ДНК, уже изученных в нашей лаборатории:

- 1) всех 24 хромосом человека; - 2) всех хромосом дрозофилы, мышей, червей и многих растений;
- 3) 19 геномов бактерий и архей; - 4) многих экстремофилов, живущих в экстремальных условиях, например, при радиации с уровнем в 1000 раз превышающим смертельный для человека.



Эти универсальные правила геномных ДНК указывают на существование нетривиальных алгебраических инвариантов **глобально** геномной природы, которые остаются неизменными на протяжении миллионов лет биологической эволюции, в ходе которой вымирают миллионы видов организмов и появляются новые (хотя **локально** геномные последовательности изменяются мутациями, прессом естественного отбора и т. п.).



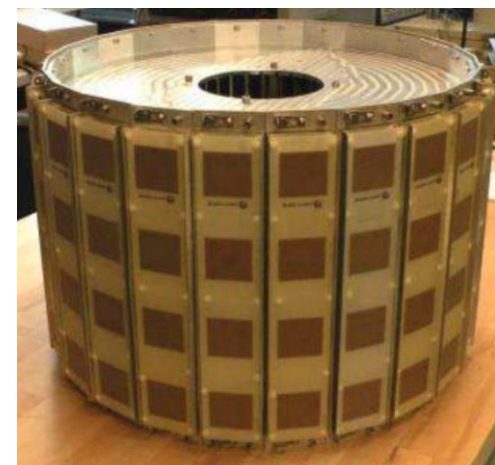
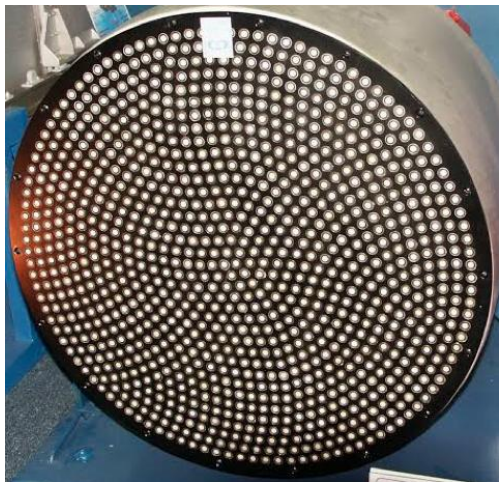
Тем самым, **подтверждается предвидение Йордана о существовании упущенных наукой законов жизни, являющихся законами вероятностей квантового мира.**

Аналогично Шредингер в книге «Что такое жизнь? С точки зрения физики» утверждал: **«Для организма следует ожидать новых законов. ... все известное нам о структуре живой материи заставляет ожидать, что деятельность живого организма нельзя свести к проявлению обычных законов физики. ... Мы вправе предполагать, что живая материя подчиняется новому типу физического закона».** Докладываемые общие геномные правила – кандидаты на роль таких законов.

Эти правила свидетельствуют о том, что генетическая информатика основана на принципах вероятностей, связанных с квантовой механикой и квантовой информатикой. В целом, обнаруженные правила указывают на то, что нуклеотидные последовательности геномных ДНК являются **стохастико-детерминированными**, т.е. такими, в которых стохастика сильно лимитирована наличием закономерных соотношений между суммарными вероятностями определенных групп n -плетов из разных слоев n -плетов. Матричные представления этих правил вероятностей выявили, что матрицы геномных вероятностей указанных n -плетов алгебраически взаимосвязаны при различных значениях n . Эта взаимосвязь показывает формальное сопряжение семейств геномных матриц вероятностей с известной **тензорно-матричной теорией цифровых антенных решеток** проф. В.Слюсаря, что дает перспективные выходы в область цифровых антенных решеток, называемых **Интеллектуальными Антеннами**.

Антенные решетки, согласованно объединяющие множество отдельных антенн, имеют тысячи применений: медицинская ультразвуковая сканирующая техника, гидроакустические системы, радиорелейные станции, радиоастрономические приборы, авионика, искусственный интеллект и пр.

Современная наука связывает с антенными решетками будущие революционные изменения в компьютерах (биофотоника) и энергетике (эффективное использование солнечной энергии) за счет использования наноантенных решеток, которые могут включать фотонные кристаллы, жидкие кристаллы и т. д.



Пример ЦАР Alcatel-Lucent, 2011 год

(Эти изображения взяты из Интернета на сайтах свободного доступа)

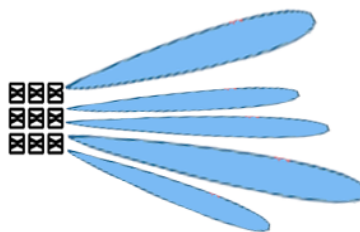
Эмерджентные свойства антенных решеток

Антенные решетки обеспечивают такие виды диаграмм направленности лучей, которые невозможны для одиночной антенны. Перечислим основные эмерджентные свойства антенных решеток:

- 1) По сравнению с одиночной антенной, решетка из N элементов позволяет примерно в N раз увеличить направленность и коэффициент усиления антенны, а также позволяет сузить лучи; .

- 2) Антенные решетки являются уникальным инструментом для обеспечения помехоустойчивости связи и выделения слабого сигнала из сильного шума;

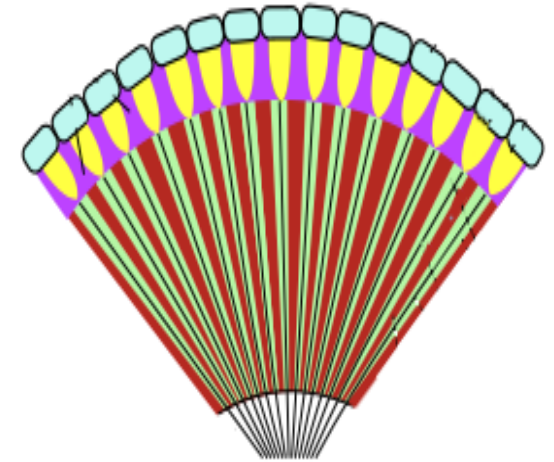
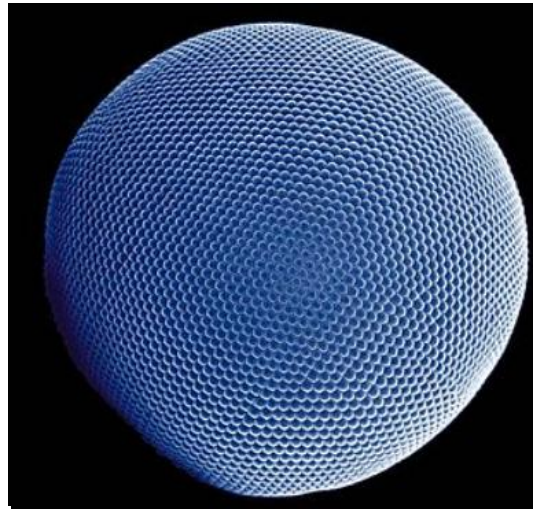
- 3) Фазированные антенные решетки, способные работать с многолучевыми диаграммами направленности.



Учитывая уникальные эмерджентные свойства антенных решеток, а также структурные аналогии между тензорно-матричной теорией антенных решеток и правилами геномных вероятностей, можно ожидать, что организмы используют в своей жизни генетически наследуемые биоантенные решетки. Это ожидание было подтверждено многочисленными примерами структуры и функционирования биосистем на основе антенных решеток и их энергоинформационных волн [Петухов, 2022]. Приведем несколько примеров.

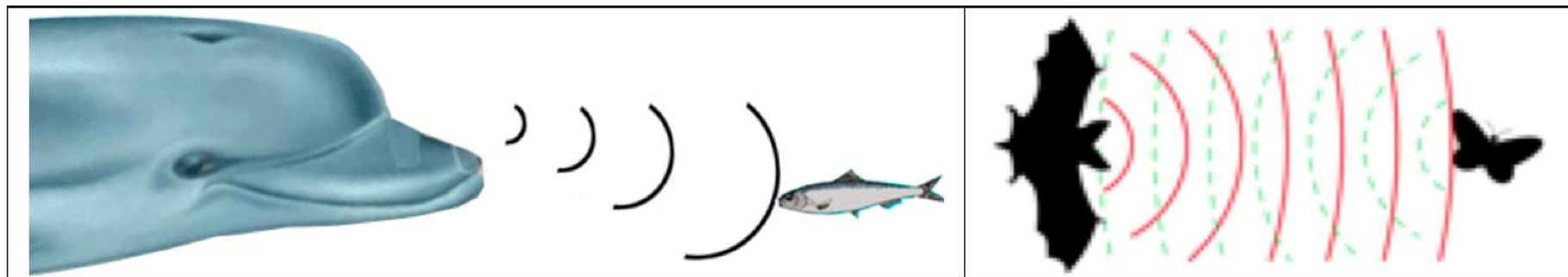
Рассматривая эти примеры, следует помнить, что электрические и вибромеханические колебания в живых телах тесно связаны, поскольку многие ткани являются пьезоэлектрическими (нуклеиновые кислоты, актин, дентин, сухожилия, кость и пр.).

Пример 1. Сложные фасеточные глаза.



Насекомые и некоторые другие беспозвоночные получают зрительную информацию через сложные фасеточные глаза, которые служат биоантенными решетками для приема электромагнитных волн. (Эти изображения взяты из Интернета на сайтах свободного доступа).

Пример 2. Биологическая эхолокация.



Многие организмы обладают врожденной способностью к эхолокации, основанной на направленных лучах волновой природы. Благодаря механизмам эхолокации, например, дельфины и летучие мыши способны распознавать расстояние, размеры и форму отслеживаемых ими объектов, по аналогии с тем, как это делают в технике активные **интеллектуальные антенны**. На теле дельфина расположено множество гидроакустических рецепторов, которые образуют многоэлементную широкозахватную гидроакустическую приемную антенну. (Эти изображения взяты из Интернета на сайтах свободного доступа).

Пример 3. Наследуемые наборы биофотонных кристаллов.



Рис. Фотонные кристаллы формируют наследуемые видовые узоры на крыльях бабочек и перьях павлина.

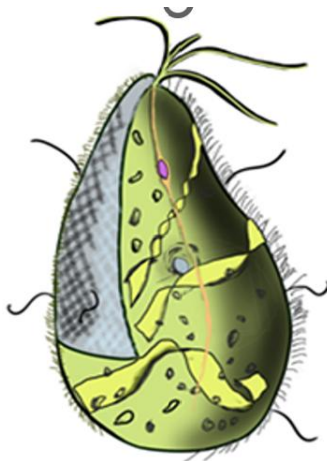
Современные технологии активно используют фотонные кристаллы для управления пространственным распределением фотонных пучков. Фотонный кристалл — это периодическая оптическая наноструктура, которая влияет на движение фотонов. Известно, что фотонные кристаллы используются в теме nanoantennных решеток.

Учитывая все эти факты, автором выдвинуто и обосновано учение об энергоинформационной эволюции на основе биоантенных решеток, объясняющее многие факты физиологии [Петухов, 2022].

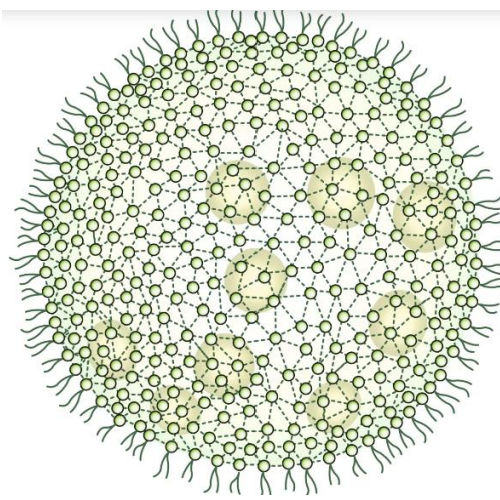
В заключение краткого изложения обширной темы геномных вероятностей в связи с булевым генетическим кодом n -плетов и циклическими кодами Грея напомним, что сама теория вероятностей сопряжена с абстрактной булевой алгеброй, являясь одной из ее возможных интерпретаций. Точнее, объектом теории вероятностей является набор элементов, образующих нормированную булеву алгебру. Можно также вспомнить фундаментальный бинарный закон «все или ничего» для активных биотканей: нервная клетка и мышечная единица дают только ответы «да» или «нет» на действие различных стимулов. На подпороговые стимулы они не реагируют, а на надпороговые реагируют полной амплитудой. Это похоже на работу компьютерных триггеров.

КОЛЛЕКТИВНОЕ АЛГЕБРОЛОГИЧЕСКОЕ СОЗНАНИЕ

Биология насыщена явлениями целенаправленного логического взаимодействия частей целостной биосистемы. Открытие связи между системой генетического кода и булевыми функциями (булевым генетическим кодом и т. д.) дает новые подходы к пониманию этих наследуемых явлений. Приведу некоторые примеры.



Одноклеточный организм *Mixotricha Paradoxa* движется за счет расположенных на его поверхности 250 тысяч спиральных бактерий *Treponema Spirochetes*. Их спиральные жгутики закручиваются скоординированно как единое целое, обеспечивая соответствующее движение в требуемых направлениях и скоростях за счет логических взаимодействий и логического управления..



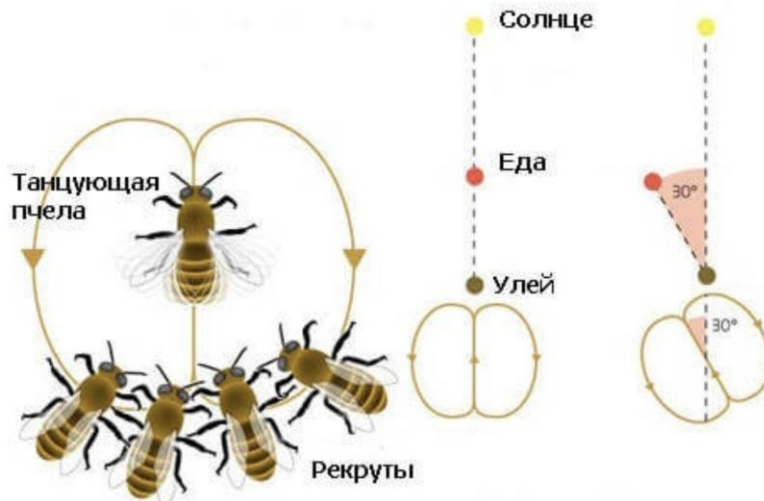
Водоросли *Volvox* — это колониальные подвижные организмы. Они состоят из множества жгутиконосных одноклеточных организмов и целенаправленно перемещаются за счет логически скоординированного биения жгутиков всех клеток.

В биологии считается, что многоклеточные организмы произошли от одноклеточных организмов через такие колониальные формы с их наследуемой логикой.

Цельные организмы при решении коллективных задач также взаимодействуют друг с другом на основе врожденных логических механизмов без необходимости сложного индивидуального обучения.

Примеры:

- танец пчел с передачей информации посредством логики движений;
- коллективизм в колонии муравьев, где каждый муравей имеет свою специализацию, но действует в интересах колонии, от выживания которой зависит его жизнь.





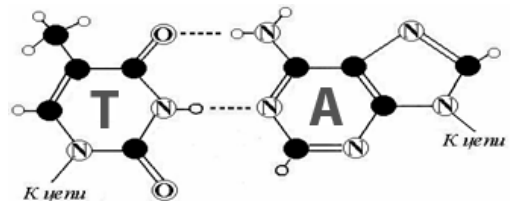
Многомиллионные сообщества термитов наделены коллективным логическим сознанием («мега мозгом» - <https://dzen.ru/a/ZppVuZwBUNb4aYU3>), **творящим** **немыслимое для отдельного насекомого**. Они строят термитники высотой до 13 метров с огромной системой воздухопроводов и жилых камер, чтобы поддерживать определенную влажность и температуру, необходимые для их жизни. Они ведут сельское хозяйство, выращивая в термитниках грибы для пропитания колонии, и т. д..

Представляется, что биологическая самоорганизация в целом основана на унаследованной логике взаимоотношений частей, сопряженной с булевой алгеброй логики, с которой связаны система генетического кодирования и фундаментальный физиологический закон «все или ничего».

ДРЕВНЕИНДИЙСКАЯ ФИЛОСОФИЯ, ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ИНФОРМАТИКА И ШАХМАТЫ.

Важная тема касается структурных параллелизмов, существующих между молекулярной системой генетического кодирования и положениями древнеиндийской философии. Эти параллелизмы позволяют думать, что по крайней мере некоторые схемы древнеиндийской философии не возникли на пустом месте, а являются отражением алгебраической организации системы генетического кода. Глубокие положения о связи древнеиндийской философии с математической логикой содержатся в книге Э.Г. Раджана «Брахма-сутры. Логическая интерпретация», 2024. Отметим некоторые из этих параллелизмов.

Согласно ведической космологии, вселенная математична (молекулярно-генетическая информатика также алгебраически структурирована). Владыка проявленного мира Брахма создал Вселенную четверками, состоящими из двух взаимодополняющих - комплементарных и, в то же время, противоположных – бинарных пар (подобно 4 нуклеотидам алфавита ДНК). Скульптурные изображения Брахмы представляют идею четверок в символической форме: у Брахмы всегда четыре головы с четырьмя лицами, обращенными в четыре стороны света, и четыре руки. Мифология, религия и философия индийцев основывались на четверках: чатур-веда (4 Веды), чатур-юга (4 юги-эры), чатур-варна (4 касты) и т. д.



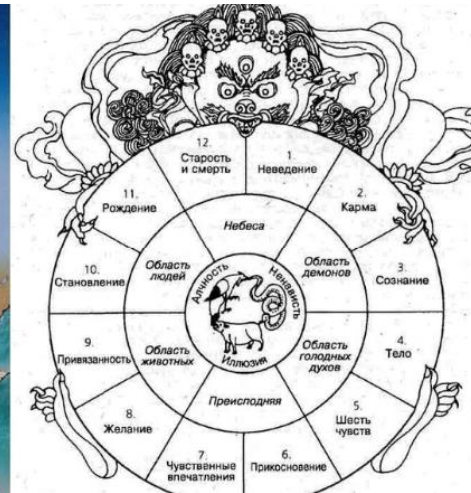
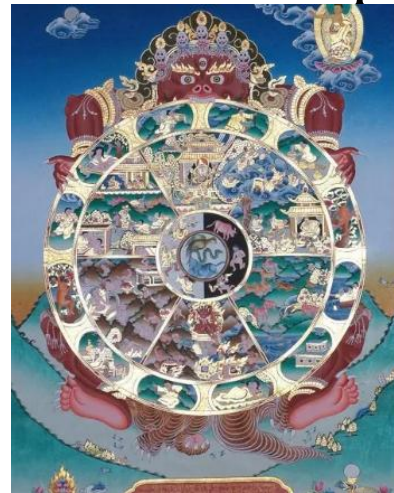
Родиной шахмат считается Индия, а ее ранние шахматы — чатуранга — состояли из четырех частей, и в них играли четыре игрока, комплект фигур для каждой из которых содержал четыре пешки и четыре ролевые фигуры. Ее фигуры располагались на севере, юге, востоке и западе. Одним из аргументов в пользу того, что родиной шахмат является Индия, является упоминание **в Ведах (Агни-Пурана) плана из 64 клеток как мистической диаграммы Вед, модели мира.** Шахматная доска, на которой расположена крестообразная мозаика из 64 белых и черных клеток, олицетворяет гармонию фракталоподобных конструкций, поскольку содержит четыре крестообразных квадранта, каждый из которых также содержит четыре крестообразных подквадранта.



В качестве такого фрактала каста жрецов-брахманов использовала похожую (8x8)-диаграмму из 64 ячеек, которая называется Васту Мандала; она была взята за основу при строительстве поселений и храмов. Поскольку конференция проводится в Индии, то отметим, что действующим чемпионом мира по шахматам, самым молодым в истории, является индийский гроссмейстер **Гукеш Доммараджу**.



Древняя Индия обожала квадраты, поэтому даже звездные карты их астрологов были квадратными. В фрактало-подобной компоновке 64-клеточного квадрата каждой ячейке было назначено свое божество, то есть такой набор из 64 ячеек соответствовал целому пантеону божеств. Значительное внимание в Ведах и древнеиндийских концепциях уделяется циклическим процессам, включая колесо сансары; «циклическость всей жизни, материи и существования» является фундаментальным убеждением большинства индийских религий. Аналогично, система генетического кода структурно связана с циклическими кодами Грея для кодирования циклических физиологических процессов.



Многомерные циклические коды Грея и генетическая шахматная доска

Наряду с одномерными кодами Грея, описанными выше, существуют многомерные коды Грея, в первую очередь, 2D- и 3D-коды Грея. Они используются в технике (например, в квадратурной амплитудной модуляции для передачи цветных сигналов в телевизионных стандартах PAL и NTSC). В 2D-кодах Грея расстояние Хэмминга между соседними членами (кодowymi словами) равно 2, а в 3D-кодах Грея расстояние Хэмминга между соседними членами равно 3.

Вернемся к генетической (8*8)-матрице Карно 64 триплетов, ячейки которой пронумерованы одномерным 6-битным кодом Грея. 2D-код Грея делит множество из 64 чисел этого 6-битного кода Грея на два подмножества: одно, содержащее все четные числа, и другое, содержащее все нечетные числа (в десятичной системе счисления). Соответственно, множество из 64 ячеек генетической матрицы Карно делится на подмножества по 32 ячейки в каждом с четными и нечетными числами, что выражается черно-белой (четно-нечетной) мозаикой матрицы Карно (см. рисунок). Эту генетическую мозаичную матрицу, напоминающую шахматную доску, мы называем **«генетической шахматной доской»**:

	000	001	011	010	110	111	101	100
000	CCC 000000	CCA 000001	CAA 000011	CAC 000010	AAC 000110	AAA 000111	ACA 000101	ACC 000100
001	CCT 001000	CCG 001001	CAG 001011	CAT 001010	AAT 001110	AAG 001111	ACG 001101	ACT 001100
011	CTT 011000	CTG 011001	CGG 011011	CGT 011010	AGT 011110	AGG 011111	ATG 011101	ATT 011100
010	CTC 010000	CTA 010001	CGA 010011	CGC 010010	AGC 010110	AGA 010111	ATA 010101	ATC 010100
110	TTC 110000	TTA 110001	TGA 110011	TGC 110010	GGC 110110	GGA 110111	GTA 110101	GTC 110100
111	TTT 111000	TTG 111001	TGG 111011	TGT 111010	GGT 111110	GGG 111111	GTG 111101	GTT 111100
101	TCT 101000	TCG 101001	TAG 101011	TAT 101010	GAT 101110	GAG 101111	GCG 101101	GCT 101100
100	TCC 100000	TCA 100001	TAA 100011	TAC 100010	GAC 100110	GAA 100111	GCA 100101	GCC 100100

Основные отличия генетической шахматной доски от обычной шахматной доски следующие:

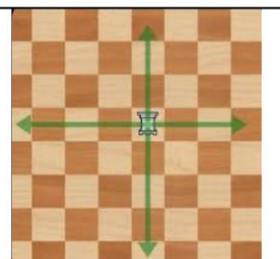
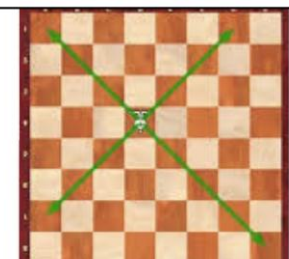
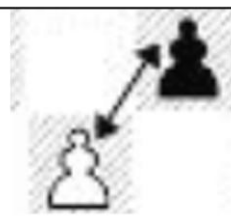
- 1) все 64 клетки генетической шахматной доски пронумерованы членами 6-битного кода Грея, который вводит расстояние Хэмминга между клетками по их кодовым номерам и который связывает его с булевой алгеброй, логически сопряженной с генетической матрицей Карно;
- 2) каждая из 64 клеток генетической шахматной доски соответствует одному из 64 триплетов генетического кода.

	000	001	011	010	110	111	101	100
000	CCC 000000	CCA 000001	CAA 000011	CAC 000010	AAC 000110	AAA 000111	ACA 000101	ACC 000100
001	CCT 001000	CCG 001001	CAG 001011	CAT 001010	AAT 001110	AAG 001111	ACG 001101	ACT 001100
011	CTT 011000	CTG 011001	CGG 011011	CGT 011010	AGT 011110	AGG 011111	ATG 011101	ATT 011100
010	CTC 010000	CTA 010001	CGA 010011	CGC 010010	AGC 010110	AGA 010111	ATA 010101	ATC 010100
110	TTC 110000	TTA 110001	TGA 110011	TGC 110010	GGC 110110	GGA 110111	GTA 110101	GTC 110100
111	TTT 111000	TTG 111001	TGG 111011	TGT 111010	GGT 111110	GGG 111111	GTG 111101	GTT 111100
101	TCT 101000	TCG 101001	TAG 101011	TAT 101010	GAT 101110	GAG 101111	GCG 101101	GCT 101100
100	TCC 100000	TCA 100001	TAA 100011	TAC 100010	GAC 100110	GAA 100111	GCA 100101	GCC 100100

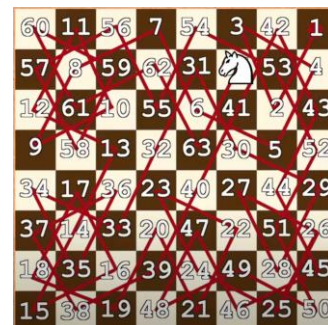
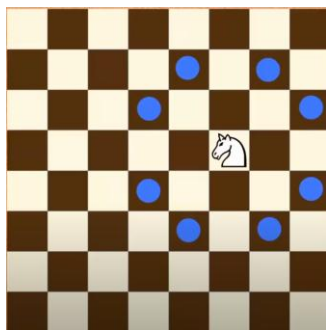
На генетической шахматной доске наборы из 32 черных клеток и 32 белых клеток содержат **идентичные наборы аминокислот и стоп-кодонов**. Это еще раз подтверждает глубокую связь системы генетического кода с циклическими кодами Грея и генетическими матрицами Карно.

	000	001	011	010	110	111	101	100
000	CCC 000000	CCA 000001	CAA 000011	CAC 000010	AAC 000110	AAA 000111	ACA 000101	ACC 000100
001	CCT 001000	CCG 001001	CAG 001011	CAT 001010	AAT 001110	AAG 001111	ACG 001101	ACT 001100
011	CTT 011000	CTG 011001	CGG 011011	CGT 011010	AGT 011110	AGG 011111	ATG 011101	ATT 011100
010	CTC 010000	CTA 010001	CGA 010011	CGC 010010	AGC 010110	AGA 010111	ATA 010101	ATC 010100
110	TTC 110000	TTA 110001	TGA 110011	TGC 110010	GGC 110110	GGA 110111	GTA 110101	GTC 110100
111	TTT 111000	TTG 111001	TGG 111011	TGT 111010	GGT 111110	GGG 111111	GTG 111101	GTT 111100
101	TCT 101000	TCG 101001	TAG 101011	TAT 101010	GAT 101110	GAG 101111	GCG 101101	GCT 101100
100	TCC 100000	TCA 100001	TAA 100011	TAC 100010	GAC 100110	GAA 100111	GCA 100101	GCC 100100

Оказывается, что на генетической шахматной доске классические ходы шахматных фигур выражаются циклическими кодами Грея в их 1D-, 2D- и 3D-версиях, то есть ходами из исходной клетки в новую клетку, 6-битная нумерация которой отличается на расстояние Хэмминга 1, или 2, или 3. Действительно, на шахматной доске все фигуры (кроме коня) ходят либо по вертикали и горизонтали, либо по диагонали. На генетической шахматной доске вертикальные и горизонтальные ходы фигур представляют собой серии переходов в соседние клетки, 6-битные номера которых отличаются на 1 символ и поэтому описываются как переходы по 1D-коду Грея (расстояние Хэмминга 1), а диагональные ходы фигур представляют собой серии переходов в соседние клетки, 6-битные номера которых отличаются на 2 символа (расстояние Хэмминга 2. т.е. случай 2D-кода Грея).



	000	001	011	010	110	111	101	100
000	CCC 000000	CCA 000001	CAA 000011	CAC 000010	AAC 000110	AAA 000111	ACA 000101	ACC 000100
001	CCT 001000	CCG 001001	CAG 001011	CAT 001010	AAT 001110	AAG 001111	ACG 001101	ACT 001100
011	CTT 011000	CTG 011001	CGG 011011	CGT 011010	AGT 011110	AGG 011111	ATG 011101	ATT 011100
010	CTC 010000	CTA 010001	CGA 010011	CGC 010010	AGC 010110	AGA 010111	ATA 010101	ATC 010100
110	TTC 110000	TTA 110001	TGA 110011	TGC 110010	GGC 110110	GGA 110111	GTA 110101	GTC 110100
111	TTT 111000	TTG 111001	TGG 111011	TGT 111010	GGT 111110	GGG 111111	GTG 111101	GTT 111100
101	TCT 101000	TCG 101001	TAG 101011	TAT 101010	GAT 101110	GAG 101111	GCG 101101	GCT 101100
100	TCC 100000	TCA 100001	TAA 100011	TAC 100010	GAC 100110	GAA 100111	GCA 100101	GCC 100100



Ходы коня на генетической шахматной доске оказываются соответствующими 3D-коду Грея, поскольку ход коня всегда ведет его на клетку, номер которой отличается ровно на 3 символа от номера исходной клетки (расстояние Хэмминга равно 3). Маршруты коня на обычной шахматной доске были предметом трудов многих математиков, начиная как минимум с XVIII века. Наиболее известными из них являются труды Л. Эйлера и его последователей по вопросу о том, может ли конь обойти все 64 клетки шахматной доски, не ступив ни на одну клетку дважды. Как установили математики, существует 26 триллионов (точнее 26 534 728 821 064) таких циклических маршрутов, по которым конь из конечной точки маршрута может пройти в начальную точку для циклического повторения всего маршрута бесконечное число раз [https://www.youtube.com/watch?v=PSOHxSnWEKU]. Докладчик считает, что шахматы связаны с генетическими архетипами, что служит скрытой причиной их популярности во всем мире на протяжении тысяч лет [Petoukhov, 2025,

<https://doi.org/10.20944/preprints202501.0198.v1>].

Возможна ли «шахматная генетика»?

Генетическая шахматная доска связана с триплетами и аминокислотами. Это позволяет сопоставлять маршруты шахматных фигур с последовательностями аминокислот в белках и последовательностями триплетов в геномах и генах. Например, конкретный маршрут коня на такой генетической доске соответствует определенной последовательности триплетов и аминокислот, которые можно сопоставить с реальными генетическими последовательностями (подробнее см. в [Петухов, 2025, <https://doi.org/10.20944/preprints202501.0198.v1>]). Могут ли быть выгоды от разработки такого рода «шахматной генетики»? Это открытый вопрос.

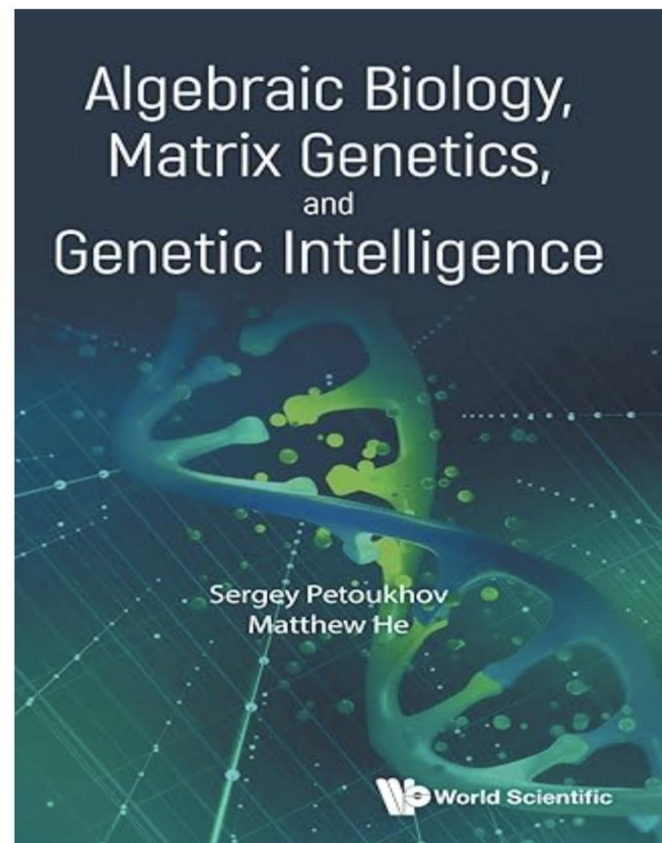
	000	001	011	010	110	111	101	100
000	CCC 000000	CCA 000001	CAA 000011	CAC 000010	AAC 000110	AAA 000111	ACA 000101	ACC 000100
001	CCT 001000	CCG 001001	CAG 001011	CAT 001010	AAT 001110	AAG 001111	ACG 001101	ACT 001100
011	CTT 011000	CTG 011001	CGG 011011	CGT 011010	AGT 011110	AGG 011111	ATG 011101	ATT 011100
010	CTC 010000	CTA 010001	CGA 010011	CGC 010010	AGC 010110	AGA 010111	ATA 010101	ATC 010100
110	TTC 110000	TTA 110001	TGA 110011	TGC 110010	GGC 110110	GGA 110111	GTA 110101	GTC 110100
111	TTT 111000	TTG 111001	TGG 111011	TGT 111010	GGT 111110	GGG 111111	GTG 111101	GTT 111100
101	TCT 101000	TCG 101001	TAG 101011	TAT 101010	GAT 101110	GAG 101111	GCG 101101	GCT 101100
100	TCC 100000	TCA 100001	TAA 100011	TAC 100010	GAC 100110	GAA 100111	GCA 100101	GCC 100100

Дополнительные материалы к данному докладу представлены в моей книге “**Algebraic Biology, Matrix Genetics, and Genetic Intelligence**” (соавтор - Prof. Matthew He, USA), World Scientific, 2023, 616 p.), и в моих статьях:

<https://doi.org/10.1016/j.biosystems.2024.105349>;

<https://www.preprints.org/manuscript/202501.0198/v1> .

Они также содержатся в моих публикациях открытого доступа на моем сайте <http://petoukhov.com/> .



ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Представленная тема «Квантовая биоинформатика и древнеиндийская философия. Циклическая физиология, циклические коды и алгебро-логические особенности системы генетического кода» является значимой и перспективной для дальнейшего изучения, ведущего к новым подходам в биоинформатике, квантовых вычислениях, искусственном интеллекте и биотехнологиях.

Благодарю за внимание!