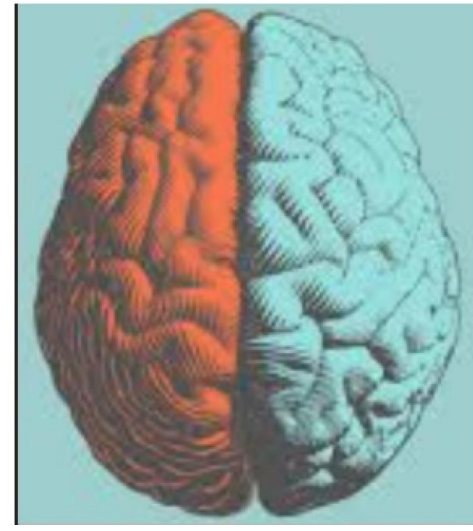
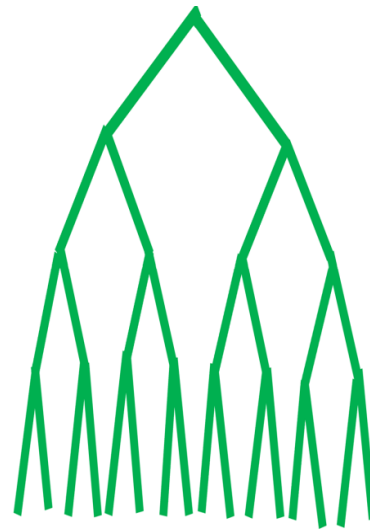
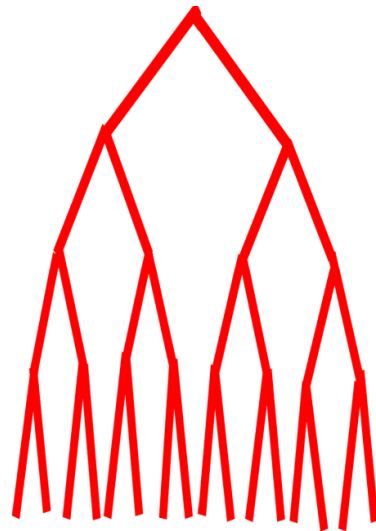
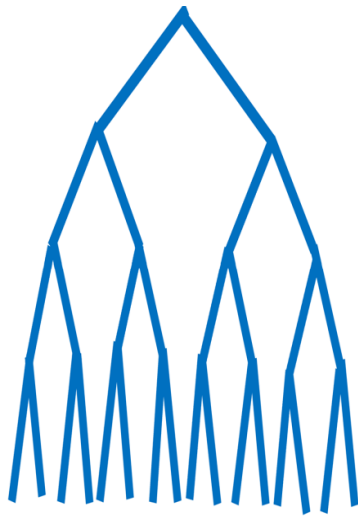


Универсальные закономерности симметрий и фракталов в геномных ДНК и их бинарно-геномных числах. Сознание и генетический интеллект

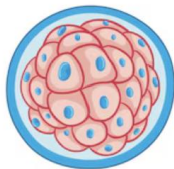
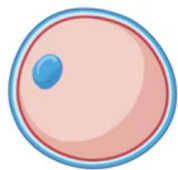
Петухов С.В., д.ф.м.н.

Руководитель Лаборатории биомеханических систем
Института машиноведения им. А.А.Благонравова РАН, Москва

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



Идея гармоничной организации живых организмов имеет древние корни в истории философских и религиозных учений. Данный доклад посвящен результатам автора по выявлению новых форм гармонии в генетической организации живых организмов. Они связаны с **генетическим интеллектом**, под которым мы понимаем ту часть интеллектуальных потенций живых организмов, которая позволяет из одной оплодотворенной клетки построить целостный организм с его триллионами взаимосогласованных клеток (на основе генетической информации в молекулах ДНК и РНК). При этом родительские признаки генетически воспроизводятся в живых организмах многоканальным и помехоустойчивым образом, несмотря на сильные шумы и постоянные изменения условий питания и внешних воздействий.



КЛЮЧЕВОЕ ОТЛИЧИЕ ЖИВОГО ОТ НЕЖИВОГО.

Создатели квантовой механики П. Йордан и Э. Шредингер указали на ключевое отличие живых тел от неживых: неживые объекты управляются средним случайным движением своих миллионов частиц, и движение отдельных частиц не имеет значения для всего объекта; напротив, **в живом организме избранные — генетические — молекулы оказывают диктаторское влияние на весь организм за счет квантового усиления** (см. историю «квантовой биологии» [<https://doi.org/10.1098/rspa.2018.0674>]). Соответственно, для раскрытия секретов живой природы необходимо изучение универсальных правил ДНК-информатики.



Генетика как наука началась с открытия Менделем - в опытах по скрещиванию организмов – статистических правил наследования признаков, а также с его фундаментальной идеи о **бинарно-оппозиционной** основе этих правил, связанной с доминантными и рецессивными факторами наследования (аллелями). В данном докладе предлагается существенное расширение значения статистических правил в геномной информатике.

В биологии все связано со стохастическими взаимодействиями молекул внутри клеток, но, параллельно с этим, существует детерминированное наследование признаков от родителей к потомкам (**дуализм «стохастика-детерминизм»**).



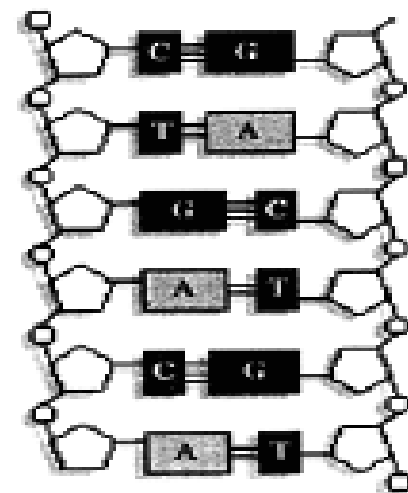
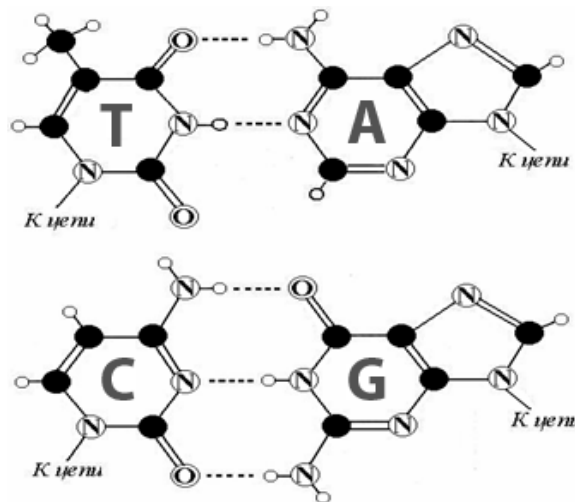
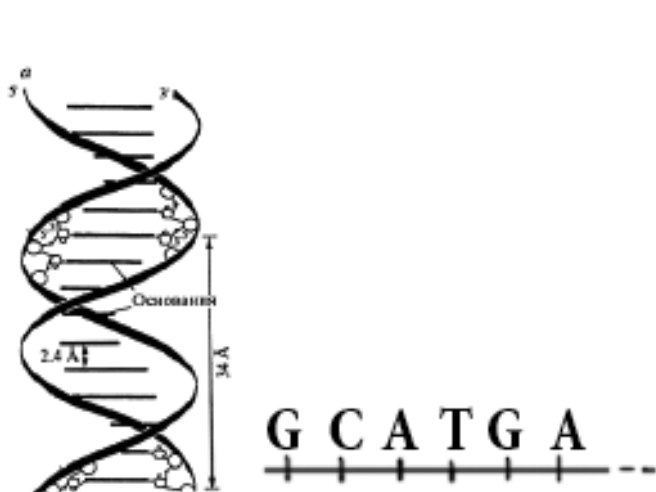
Gregor Johann Mendel (1822-1884)

Недаром один из основоположников квантовой механики и автор первой статьи по квантовой биологии (1932) П. Йордан утверждал, что упущенные наукой законы живого являются законами вероятностей (см. историю «квантовой биологии» — <https://doi.org/10.1098/rspa.2018.0674>). Квантовая механика и квантовая информатика основаны на вероятностях. Биотелам как квантово-физическим информационным системам в мире посвящено множество работ.

Обратимся теперь к проведенному мной анализу статистических закономерностей в информатике представительного набора одноцепочечных геномных ДНК. **Этот анализ выявил универсальные алгебраические правила связи стохастики и детерминизма уже на глубинном уровне геномных ДНК высших и низших организмов.** Все геномные ДНК брались мной из общедоступного банка генетических данных GenBank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank>).

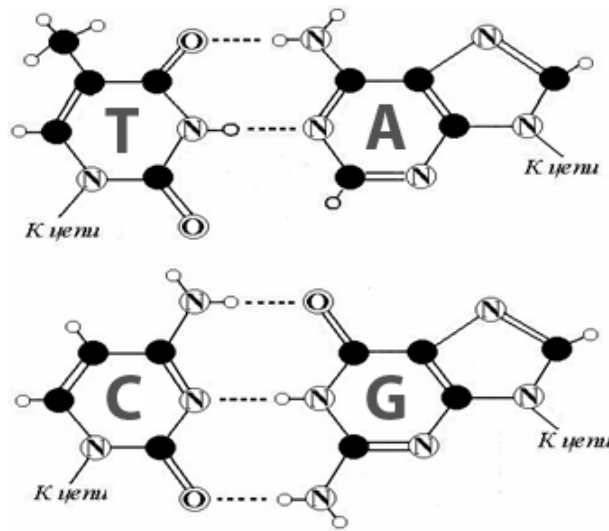
Бинарные оппозиции в алфавите ДНК

Генетическая информация в ДНК записывается в форме текстов из четырех молекулярных «букв» или нуклеотидов – аденина А, цитозина С, гуанина G и тимина Т.



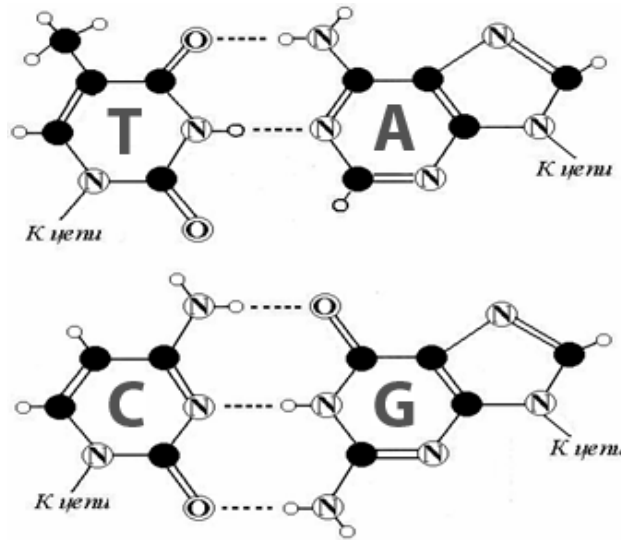
Представлен фрагмент нуклеотидного текста ДНК:

```
TCTGACCTGAGGAGAACTGTGCTCCGCCTTCAGAGTACCACCGAAATCTGTGCAGAGGACAACGCAGCTC 1:  
CGCCCTCGCGGTGCTCTCCGGGTCTGTGCTGAGGAGAACGCAACTCCGCCGTTGCAAAGGCGCGCCGCGC  
CGGCGCAGGCGCAGAGAGGCGCGCCGCGCCGGCGCAGGCGCAGAGAGGCGCGCCGCGCCGGCGCAGGCGC  
AGAGAGGCGCGCCGCGCCGGCGCAGGCGCAGAGAGGCGCGCCGCGCCGGCGCAGGCGCAGAGAGGCGCGC
```



В ДНК алфавит 4 нуклеотидов Т, А, С, Г является носителем системы трех пар бинарных-оппозиционных признаков (индикаторов), а потому содержит три вида бинарных суб-алфавитов:

-1) два из этих нуклеотидов являются пуринами (А и Г), имеющими 2 кольца в молекуле, а два других (С и Т) являются пиримидинами, содержащими 1 кольцо, что дает представление $C = T = 0$, $A = G = 1$. В отношении этого бинарного индикатора любая последовательность ДНК представляется соответствующей бинарной числовой последовательностью. Например, последовательность GCATGAAGT представляется как **101011110**;



- 2) Два из этих нуклеотидов являются кето-молекулами (Т и G), а два других (С и А) являются амино-молекулами, что дает представление **C = A = 0, T = G = 1**. В отношении этого признака та же самая последовательность GCATGAAGT представляется как **100110011**;
- 3) два из этих нуклеотидов (А и Т) образуют комплементарную пару, связываясь 2 водородными связями, а другие два комплементарные нуклеотида (С и G) связываются 3 водородными связями. Это дает представление **C=G=0, A=T=1**. В отношении данного признака та же последовательность GCATGAAGT предстаёт как **001101101**.

Другими словами, любая последовательность нуклеотидов ДНК является носителем трех параллельных сообщений на трех разных бинарных языках. Эти три типа бинарных представлений образуют общую логическую систему, основанную на логическом триединстве субалфавитов ДНК, что раскрывается с помощью логической операции сложения по модулю 2, примененной к ним: сложение по модулю-2 $\oplus$ любых двух таких бинарных представлений последовательности ДНК дает бинарную последовательность, идентичную третьему типу бинарного представления этой же последовательности ДНК: например, используя приведенные выше бинарные представления последовательности GCATGAAGT, мы имеем $101011110 \oplus 100110011 = 001101101$. Логическое сложение по модулю-2 активно используется в квантовой информатике, и ДНК-алфавит нуклеотидов оказывается связанным с этой алгебро-логической операцией.

При представлении нуклеотидной последовательности любой одноцепочечной геномной ДНК в виде бинарных последовательностей на основе указанных трех бинарных ДНК-субалфавитов получаем три типа бинарных последовательностей, называемых бинарно-геномными числами (или БГ-числами) [Петухов, 2023]. Эти бинарно-геномные числа обладают уникальными статистическими особенностями, выявленными следующим авторским методом иерархии бинарных статистик (или методом статистических матрешек).

Бинарная последовательность изучаемого БГ-числа сначала рассматривается как текст из отдельных символов 0 и 1 с компьютерным расчетом процента (вероятности) каждого из этих двух символов %0 и %1. Затем это же БГ-число рассматривается как текст из бинарных дуплетов 00, 01, 10, 11 с расчетом вероятности каждого из этих 4 типов бинарных дуплетов %00, %01, %10, %11.

Затем аналогично то же самое бинарно-геномное число представляется как популяция триплетов, тетраплетов и и т. д. с каждым разом расчетом процентов каждого из 64 типов бинарных триплетов (%000, %001, ...), каждого из 256 типов бинарных тетраплетов (%0000, %0001,) и т. д.

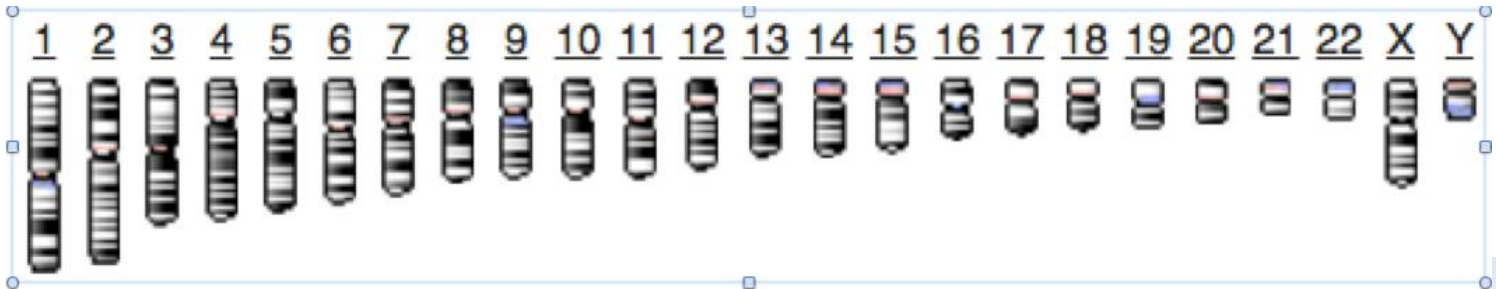


Тем самым, каждое БГ-число представляется как многослойная система текстов из бинарных n-плетов, имеющих соответствующие вероятности в рассматриваемой ДНК. Оказывается, что вероятности n-плетов в разных слоях (текстах) неожиданно связаны между собой универсальными закономерностями в геномных ДНК высших и низших организмов

ЭУКАРИОТЫ И ПРОКАРИОТЫ

Представленные ниже и другие открытые и опубликованные автором правила стохастико-детерминированной организации геномных ДНК справедливы для всех уже проанализированных в нашей лаборатории геномных ДНК:

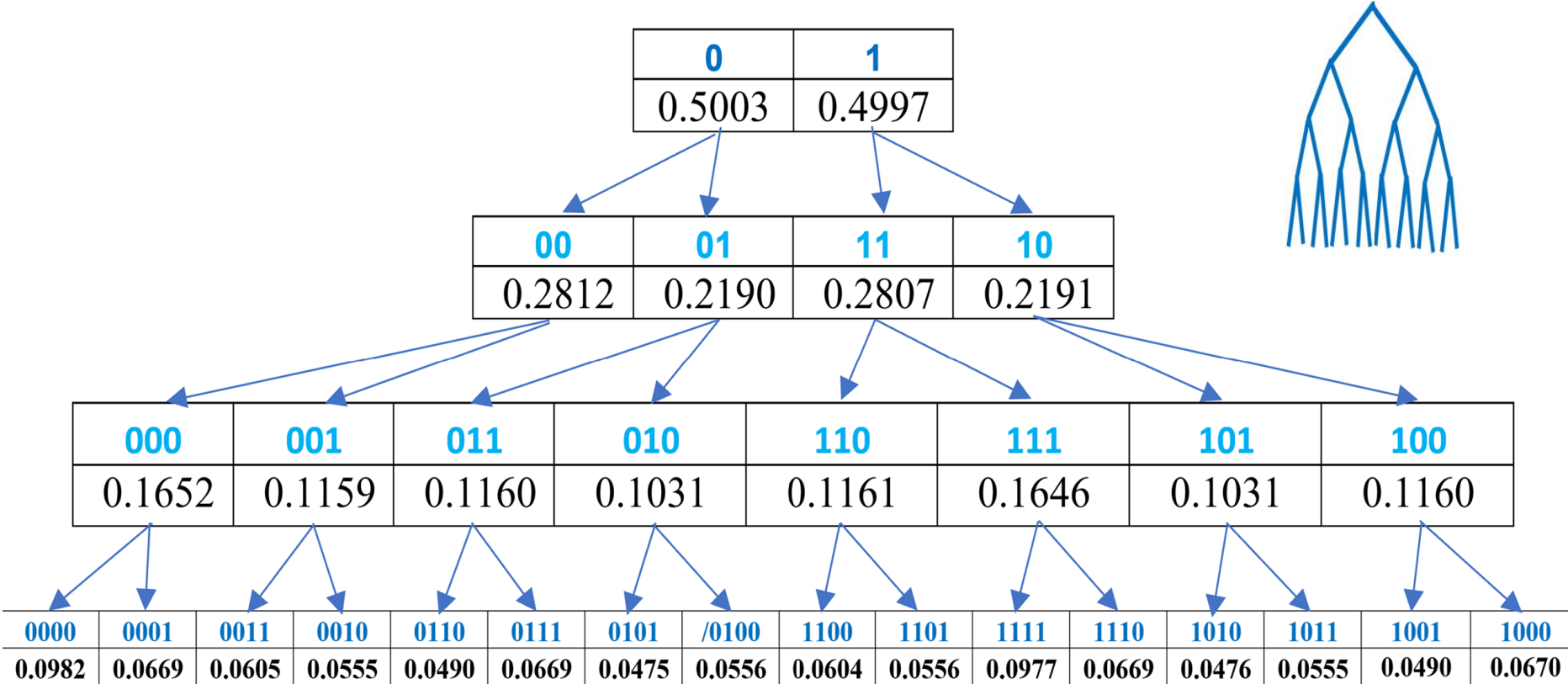
- 1) всех 24 видов хромосом человека;
- 2) всех хромосом дрозофилы, мыши, червя и многих растений;
- 3) 19 геномов бактерий и архей;
- 4) многих экстремофилов, живущих в экстремальных условиях, например, радиации с уровнем в 1000 раз превышающим летальный для человека.



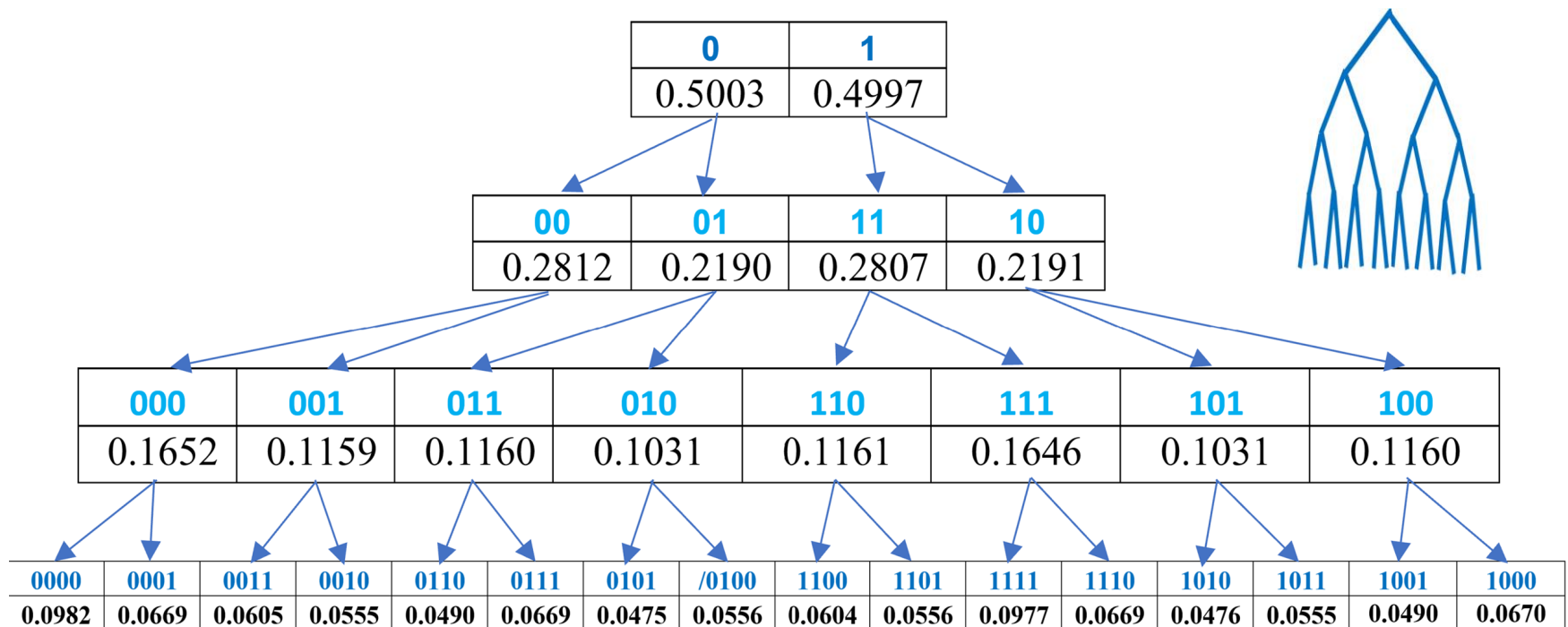
Поясню эти правила на примере одноцепочечной ДНК человеческой хромосомы №1, содержащей около 250 миллионов нуклеотидов (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/NC_000001.11). Ее двоичное представление (например, на основе «пурин-пиримидинового» субалфавита) представляет собой сверхогромное бинарно-геномное число размером около 250 миллионов бит (десятичный аналог такого числа достигает $2^{250000000}$). Эти взаимосвязанные бинарно-геномные числа (на основе трех типов субалфавитов ДНК) отражают законы квантовой биофизики и квантовой биоинформатики, генетической памяти, алгоритмы генетической биомеханики и т. д. Математическое естествознание ранее не работало с системами таких сверхогромных чисел (насколько мне известно).

СТАТИСТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ БИНАРНО-ГЕНОМНЫХ ЧИСЕЛ НА СУБАЛФАВИТЕ «ПУРИНЫ-ПИРИМИДИНЫ».

В этом субалфавите пурины обозначаем синим символом **0**, а пиримидины – синим символом **1** (**C=T=0**, **A=G=1**). Здесь показана диаграмма вероятностей пурин-пиримидиновых n-плетов для случая последовательности нуклеотидов ДНК первой хромосомы человека, представленной в виде набора текстовых слоев n-плетов.

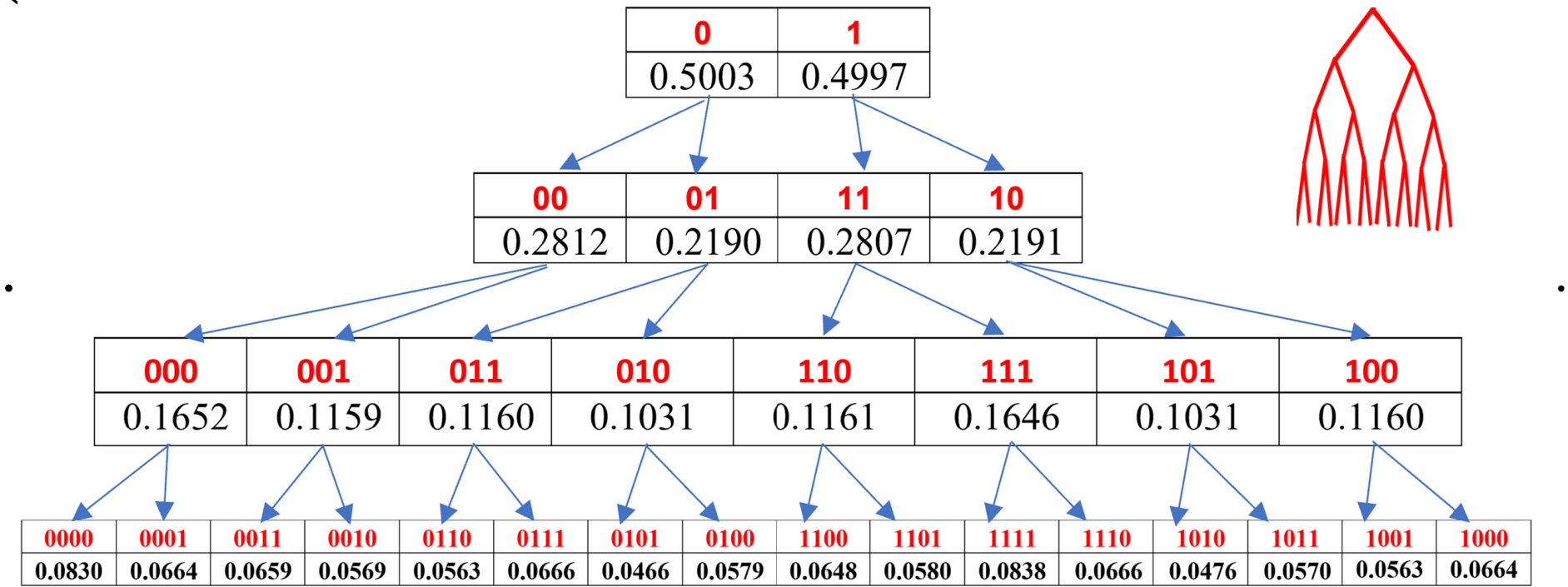


В геномных ДНК между соседними слоями пурин-пиримидиновых n -плетов и $(n+1)$ -плетов природа реализует следующее **правило дихотомического фрактала вероятностей**: - вероятность каждого n -плета практически равна сумме вероятностей двух $(n+1)$ -плетов. Например, в ДНК человеческой хромосомы № 1 дуплет **01** в тексте дуплетов имеет вероятность **0,2190**, а два триплета **010** и **011** в тексте триплетов имеют почти одинаковую общую сумму своих вероятностей **0.2191** ($= 0.1160 + 0.1031$).



СТАТИСТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ БИНАРНО-ГЕНОМНЫХ ЧИСЕЛ НА СУБАЛФАВИТЕ “АМИНО-КЕТО”

Аналогичное **правило дихотомического фрактала геномных вероятностей** справедливо для двоично-геномных чисел, определяемых «амино-кето» суб-алфавитом ДНК: - для любой геномной ДНК, представленной в виде набора текстов таких п-плетов, вероятность каждого п-плета в п-плетном тексте практически равна сумме вероятностей двух (n+1)-плетов в (n+1)-плетном тексте.

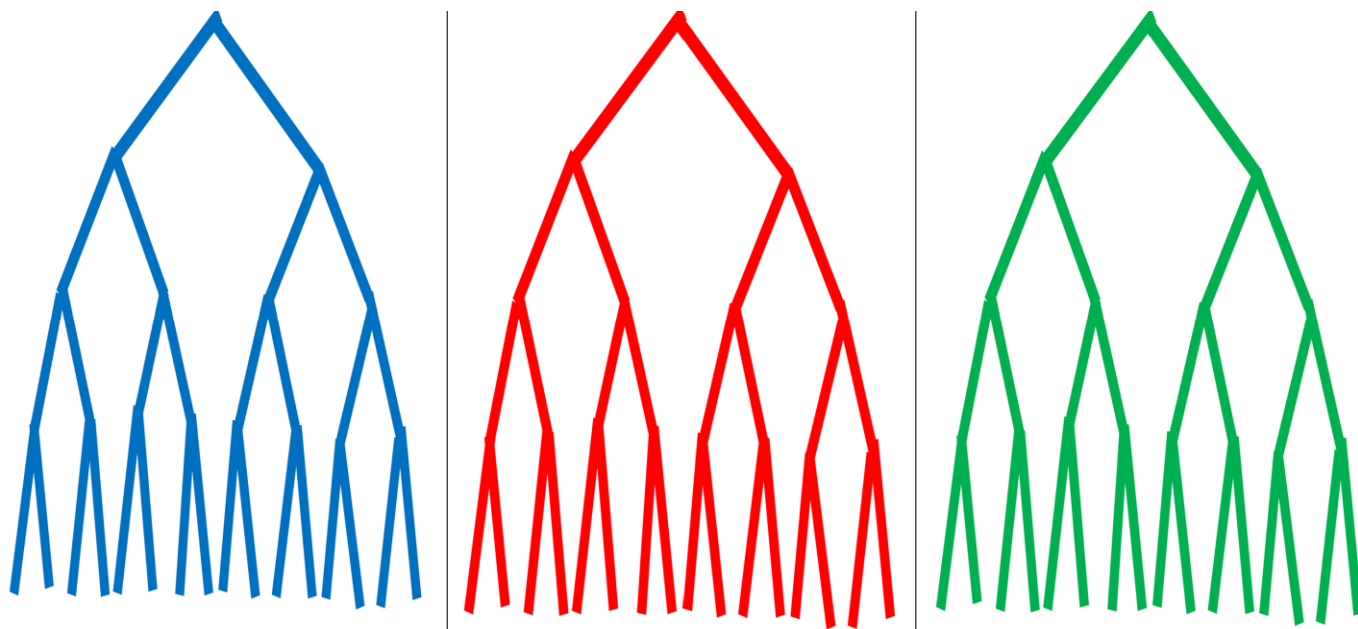


СТАТИСТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ БИНАРНО-ГЕНОМНЫХ
ЧИСЕЛ НА СУБАЛФАВИТЕ «СИЛЬНЫХ-СЛАБЫХ»
ВОДОРОДНЫХ СВЯЗЕЙ.

Аналогичное **правило дихотомического фрактала вероятностей** п-плетов реализуется для бинарно-геномных чисел, представляющих нуклеотидные последовательности геномных ДНК на основе субалфавита оппозиции сильных (3 связи) и слабых (2 связи) водородных связей.



Таким образом, статистическая организация всех трех типов гигантских бинарно-геномных чисел, представляющих геномные ДНК на основе трех типов бинарных оппозиций в нуклеотидном алфавите ДНК, оказывается структурно взаимосвязанной и триедино связанной с дихотомическими фракталами вероятностей, графически представленными здесь: .



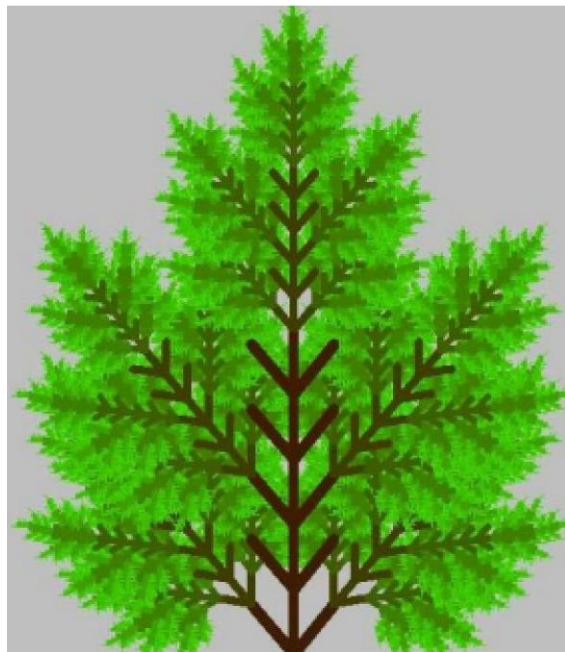
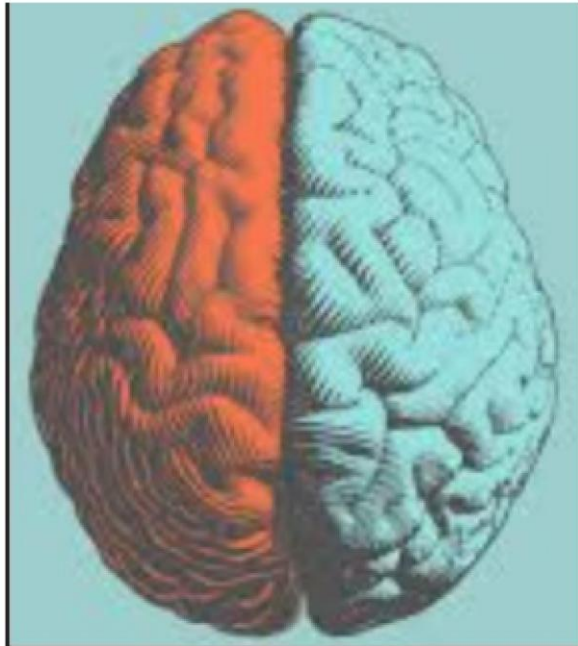
Вся геномная информатика оказывается связанной с огромной многослойной сетью дихотомических фракталов вероятностей. Таким образом, отверждается предсказание Джордана о пропущенных наукой законах жизни, которые являются законами вероятности квантового мира.

Открытые универсальные правила геномных ДНК свидетельствуют о существовании нетривиальных алгебраических инвариантов **глобальной** геномной природы, которые остаются неизменными на протяжении миллиардов лет эволюции, в ходе которой вымирают миллионы видов организмови возникают новые (хотя **локально** геномные последовательности изменяются в результате мутаций, давления естественного отбора и т. п.

Обнаруженные правила свидетельствуют, что информационные последовательности геномных ДНК являются стохастико-детерминированными, т.е. такими, в которых стохастичность сильно лимитирована наличием регулярных взаимосвязей между суммарными вероятностями определенных групп n-плетов из разных слоев n-плетов. Системы дихотомических фракталов вероятностей в геномных ДНК могут быть смоделированы на основе формализмов квантовой информатики в виде многоуровневых поликубитовых состояний, в которых коэффициенты вычислительных базисных состояний разных уровней численно связаны между собой, определяя единство системы.

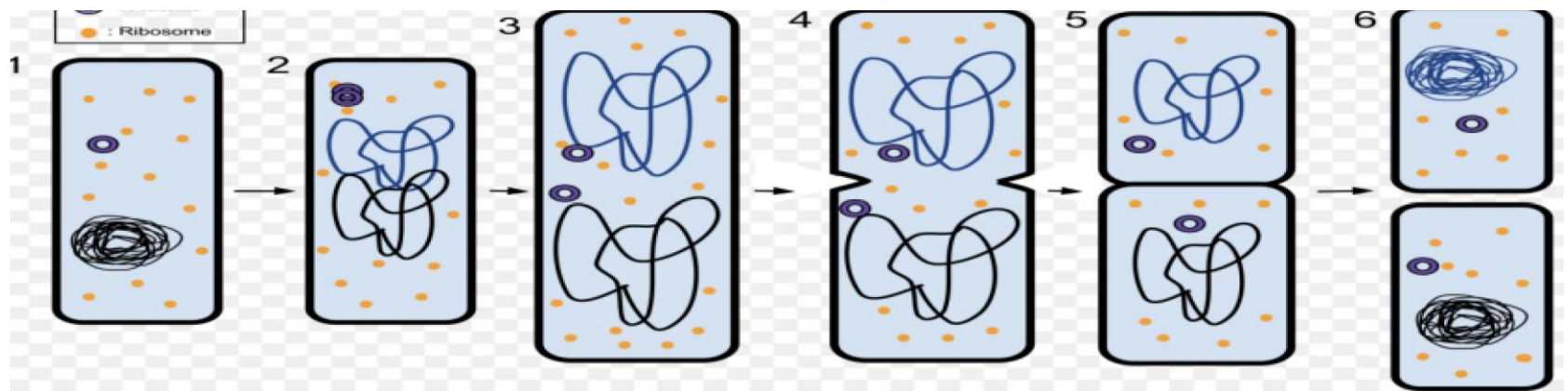
$$\begin{aligned}
 |\Psi_1\rangle &= \alpha_0|0\rangle + \alpha_1|1\rangle, & (\alpha_0^2 + \alpha_1^2 = 1). \\
 |\Psi_2\rangle &= \alpha_{00}|00\rangle + \alpha_{01}|01\rangle + \alpha_{11}|11\rangle + \alpha_{10}|10\rangle, & (\alpha_0^2 \simeq \alpha_{00}^2 + \alpha_{01}^2). \\
 |\Psi_3\rangle &= \alpha_{000}|000\rangle + \alpha_{001}|001\rangle + \alpha_{011}|011\rangle + \alpha_{010}|010\rangle + \alpha_{110}|110\rangle + \alpha_{111}|111\rangle + \alpha_{101}|101\rangle + \alpha_{100}|100\rangle \\
 |\Psi_4\rangle &= \alpha_{0000}|0000\rangle + \alpha_{0001}|0001\rangle + \alpha_{0010}|0010\rangle + \alpha_{0011}|0011\rangle + \dots + \alpha_{1010}|1010\rangle + \alpha_{1011}|1011\rangle + \alpha_{0100}|0100\rangle + \alpha_{0101}|0101\rangle
 \end{aligned}$$

Дихотомии в генетически наследуемых телах хорошо известны: два полушария мозга, дихотомическое ветвление у растений, сосудов и нейронов; бронхиальное дерево легких человека, наделенное 23 уровнями дихотомического ветвления и т. д.



Но в геномных ДНК, в отличие от телесных структур, мы сталкиваемся с **принципиально иным типом дихотомии: дихотомиями вероятностных характеристик в информационных последовательностях ДНК.** Обширные дихотомические фрактальные сети вероятностей геномных ДНК являются той почвой, из которой вырастают живые тела и генетический интеллект. Материальные структуры живых тел не возникают из ниоткуда, а имеют структурные прототипы в закономерной системе геномных вероятностей. Открытие универсальных правил геномных вероятностей позволяет по-новому понять явления дихотомий в наследственной структуре биологических тел.

Например, почему на протяжении миллиардов лет жизни на Земле бактериям и прокариотам свойственно размножаться путем дихотомического деления тела на две половины? На каких структурных и энергетических основах базируется этот «вечный» дихотомический феномен размножения бактерий, сопровождающийся сложнейшим процессом дихотомического деления всей дихотомически организованной генетической информации вместе с сопутствующими сложными ансамблями белков и нуклеиновых кислот бактериальной клетки?



Возможен следующий ответ: существует скрытый от непосредственного восприятия мир семейств вероятностей, структурированный на основе бинарных оппозиций (типа Инь-Ян). Именно по образу и подобию бинарно организованных семейств вероятностей этого многослойного мира и построены генетически наследуемые биотела. Образно говоря, наши тела — это как бы одежда, надетая на эти бинарные структурированные семейства вероятностей, которые выступают прототипами биологических структур.



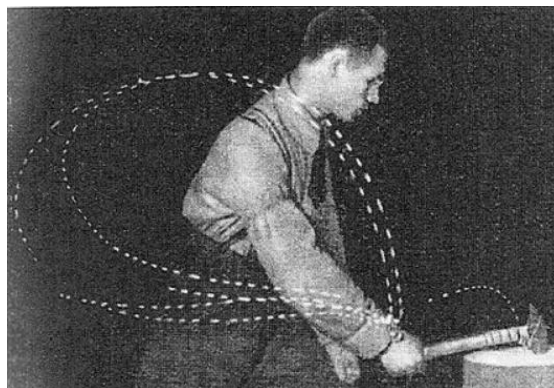
В некоторой степени это похоже на ситуацию с человеком-невидимкой из романа Г. Уэллса, чья невидимая фигура появлялась только тогда, когда он был одет. Это также напоминает идеи явного и неявного миров и известную аллегорию Платона о мире идей и тенях на стене пещеры, по которым живущие в пещере люди могут судить об истинном скрытом мире идей.



Вероятности, мозг и сознание.

Наш мозг, содержащий 86 миллиардов нервных клеток и один квадриллион межнейронных контактов, работает на вероятностных принципах, поскольку на передачу каждого импульса от нейрона к нейрону может влиять огромное количество факторов. Но на основе стохастических потоков нейронных импульсов в мозге мы получаем детерминированное представление об объектах окружающего мира и можем успешно оперировать ими. Поскольку мозг наследуется через систему генетического кодирования, можно думать, что, изучая универсальные правила стохастической организации геномной информатики, мы косвенно изучаем вероятностные принципы работы мозга и биомеханику сенсомоторных систем.

Эти вопросы напрямую связаны с известной «биомеханической проблемой Н.А. Бернштейна»: общая целевая задача движения тела выполняется точно независимо от неточности составляющих ее двигательных подзадач. Например, при повторении точного удара молотком по гвоздю человек каждый раз использует разные траектории, скорости и ускорения частей тела с изменением как сгибаний суставов, так и активности многих мышц с двигательными нейронами каждой мышцы. Вопрос о том, как нервная система «выбирает» подмножество из почти бесконечного множества степеней свободы, является фундаментальной проблемой в понимании управления движениями и обучения им.



Ведическая космология утверждает, что Вселенная математична. Параллельно с этим наши исследования свидетельствуют, что структурная организация живых тел алгебраична и связана с миром вероятностей квантовой информатики.

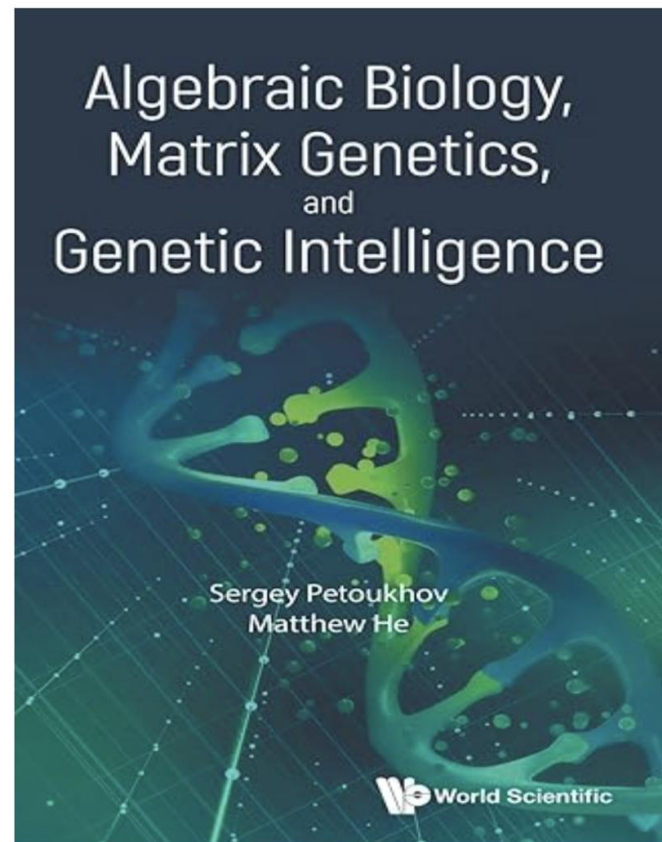
•

Additional materials of the talk are presented in my book **“Algebraic Biology, Matrix Genetics, and Genetic Intelligence”** (co-authored with Prof. Matthew He, USA, World Scientific, 2023, 616 p.) and in my articles:

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

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

They are also contained in a number of publications open for reading on my website <http://petoukhov.com/> .



ВЫВОДЫ

- 1) Гармоническая организация генетически кодированных живых тел основана на алгебраической гармонии вероятностей особого стохастико-детерминированного типа. В частности, эта гармония вероятностей проявляется как триединство дихотомических фракталов вероятностей.
- 2) Универсальные алгебраические правила вероятностей существуют в нуклеотидных последовательностях одноцепочечных геномных ДНК высших и низших организмов.
- 3) Алгебраическая гармония геномных вероятностей, представленная в симметрических свойствах огромных бинарно-геномных чисел, перекликается с некоторыми положениями о фракталоподобных структурах в древнеиндийской философии.