

Теоретические статьи / Theoretical articles

УДК: 577, 57.01, 7.01, 7.05

НАСЛЕДОВАНИЕ АНСАМБЛЕЙ ЦИКЛИЧЕСКИХ СТРУКТУР И СВЯЗЬ ГЕНЕТИЧЕСКОГО КОДИРОВАНИЯ С ЦИКЛИЧЕСКИМИ КОДАМИ ГРЕЯ И БУЛЕВЫМИ ФУНКЦИЯМИ

Петухов С.В.

*Институт машиноведения им. А.А. Благонравова Российской академии наук,
Москва, Россия*

Аннотация

Статья посвящена проблеме генетического наследования ансамблей взаимно согласованных циклических процессов, огромный хор которых является основой каждого живого организма.

Показано, что структурная организация системы генетического кодирования сопряжена с циклическими кодами Грея и картами Карно из булевой алгебры логики.

В связи с этим данная система может рассматриваться как система циклического кодирования, связанная с булевыми функциями.

На базе фактических данных выдвигается и обосновывается положение о том, что генетическая система несет на себе помимо известного генетического кода аминокислотных последовательностей белков, также генетический код булевых функций, кодируемых n -плетами ДНК и РНК, для наследуемого обеспечения логически согласованных взаимодействий частей организма.

Учет этого второго, булево-логического кода, позволяет естественным образом объяснить целый ряд трудных проблем генетики, а также открывает путь к пониманию логического сопряжения множества наследуемых физиологических процессов.

Предлагается новый взгляд на вековечное использование ритмов и циклов в творчестве людей — музыке, поэзии, архитектуре и пр., как отражение неосознанного стремления людей воспроизвести в своих творениях те принципы структурирования, в соответствии с которыми они построены сами.

Ключевые слова: алфавиты ДНК, генетический код, циклические биоструктуры, циклический код Грея, булева алгебра логики, карты Карно

INHERITANCE OF ENSEMBLES OF CYCLIC STRUCTURES AND THE CONNECTION OF GENETIC CODING WITH GRAY CYCLIC CODES AND BOOLEAN FUNCTIONS

Petoukhov S.V.

*Mechanical Engineering Research Institute of Russian Academy of Sciences,
Moscow, Russia*

Abstract

The article is devoted to the problem of genetic inheritance of ensembles of mutually coordinated cyclic processes, whose huge choir is the basis of each living organism. It is shown that the structural organization of the genetic coding system is associated with Gray cyclic codes and Karnaugh maps from the Boolean Algebra of Logic. In this regard, this system can be considered as a cyclic coding system associated with Boolean functions. On the basis of the well-known experimental data, the following provision is put forward and justified: the genetic system carries on itself, in addition to the well-known genetic code of amino acid sequences of proteins, also the genetic code of the Boolean functions encoded by n-plets of DNA and RNA, for the inherited ensuring the logically consistent interactions of the body's parts. Accounting for this second, that is Boolean-logical code, allows you to naturally explain a number of difficult problems of genetics, and also opens the way to understand the logical conjugation of many inherited physiological processes. A new understanding is proposed for the phenomenon of using of rhythms and cycles in the creativity works of people - in music, poetry, architecture, etc.: this phenomenon can reflect the unconscious desire of people to reproduce in their creations those principles of structuring, in accordance with which they are built themselves.

Keywords: DNA alphabets, genetic code, cyclic biostructures, Gray cyclic code, Boolean algebra of logic, Karnaugh maps

1. ВВЕДЕНИЕ

Знаменитая книга «Игра в бисер» Нобелевского лауреата Г. Гессе посвящена глубинной математической связи между предметами из разных областей науки и искусства (https://ru.wikipedia.org/wiki/Игра_в_бисер). Она говорит о будущем искусстве сочинения метатекста, синтезе всех отраслей в одно, универсальное искусство. Речь идет, прежде всего, о музыке и математике и о времени, когда мелодические процессы стали выражать

физико-математическими формулами, развивая мысли и убеждения множества мыслителей разных эпох о наличии связи между музыкой и математикой. По нашему мнению, генетические тексты ДНК с их скрытыми закономерностями и принципами кодирования наследуемых структур являются теми метатекстами, на основе которых строятся биологические тексты различной природы.

В этой связи настоящая статья посвящена исследованию математических особенностей системы генетического кодирования, которая обеспечивает наследование, в частности, фундаментального свойства каждого живого организма быть огромным хором согласованных циклических процессов. С древних времен хрономедицина утверждает, что все наши болезни являются следствием нарушений в этой согласованности циклических процессов (типа аритмии сердца, возникающей при рассогласовании ритмической деятельности его частей). Характерно, что в своих творческих исканиях — музыке, поэзии, архитектуре и пр., люди издавна используют ритмы, циклы и соответствующие симметрии, неосознанно стремясь воспроизвести в своих творениях те принципы структуризации, в соответствие с которыми построены сами. Таким образом, реализуется древний принцип «подобное порождает подобное», представленный также в двойной спирали ДНК. А между элементами музыкальных и других произведений искусства в ходе этого творчества задаются логические взаимосвязи, которые определяют их индивидуальное содержание, отражающееся в эмоциональном восприятии людьми этих произведений.

С давних пор осмысление феномена музыки и музыкальных структур сопрягается с математикой. Создатель первого компьютера Лейбниц писал: *«Музыка есть таинственная арифметика души, которая вычисляет себя, сама того не сознавая»*. При этом в головном мозге человека нет специализированного центра музыки, чувство любви к музыке можно полагать рассредоточенным по всему организму подобно рассредоточенности генетических молекул ДНК по всем его клеткам. Более 30 тысяч лет назад - задолго до появления арифметики - наши предки уже играли на каменных флейтах и костяных арфах. Так, костяной флейте, найденной во Франции, по меньшей мере, 32 тысячи лет. Известно влияние музыки на рост растений и биотехнологические процессы [1]. И.В. Гете, ничего не зная в его время о генетическом кодировании, утверждал просто:

«Музыка — нечто целиком врожденное, нутряное» (<https://www.sky-art.com/goethe/ekker/ekker01.htm>).

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» [2]). Соответственно для раскрытия секретов и патентов живой природы, а также для новых подходов к системам искусственного интеллекта и проблемам биомашин необходимо изучение закономерностей информатики ДНК, раскрытие информационных патентов живой природы. В настоящей статье представлены авторские результаты алгебраического изучения этих закономерностей.

Подчеркнем, что для понимания жизнедеятельности живого тела и механизмов творчества человека недостаточно знать законы физики, но необходимо учитывать принципы алгебры логики. Это аналогично тому, что на основе одних лишь законов физики невозможно уяснить взаимосвязи между свечением разных пикселей на мониторе компьютера при показе картины или фильма на нем, поскольку эти взаимосвязи носят логический характер. И физик, знающий все законы физики, но не знающий принципы математической логики, не в силах понять работу компьютера. Занимаясь проблемой творчества и сознания, сопряженной с актуальной темой искусственного интеллекта, надо помнить следующее академическое положение: *«Без математической логики теряют всякую почву дискуссии о том, может ли машина мыслить, и становится бессодержательной актуальная проблема создания искусственного интеллекта»* [3].

Живые организмы наделены врожденной способностью к сознательным действиям в поисках пищи, спасения от хищников, строения сооружений и пр. (Рис. 1.1). Даже организмы, лишённые нервных клеток, наделены аналогичной способностью.

Напомним, что физиология активных тканей строится на фундаментальном бинарном законе «все или ничего»: нервная клетка и мышечная единица дают ответы только «да» или «нет» на действия различных стимулов [4, 5]. На подпороговые стимулы они не откликаются, а на надпороговые реагируют полной амплитудой. Это ассоциируется с

работой триггеров компьютера (давно известны гипотезы о живых телах как компьютерах).



Рис. 1.1. *Примеры врожденных способностей животных организмов к целенаправленной созидательной деятельности*

Fig. 1.1. *Examples of innate abilities of animal organisms to purposeful creative activity*

Крокодильчики и черепашки, вылупившись из яйца, сразу ползут к воде вполне координированными движениями на основе логически согласованной активности миллионов их бинарно работающих нервных и мышечных клеток. Подобные факты о генетически наследуемых биотелах наводят на мысль о возможной связи системы генетического кодирования с булевой алгеброй логики.

Целью данной статьи является представление и обсуждение результатов авторского исследования, выявившего структурную связь системы генетического кодирования с булевой алгеброй логики и циклическими кодами Грея, давно используемыми в технике и информатике. Это исследование выявляет ранее не известное генетическое булево-логическое n -плетное кодирование, существующее наряду с давно известным генетическим триплетным кодированием аминокислотных последовательностей белков. Оно также обращает внимание на то, что генетическое наследование ансамблей циклических процессов в живом возможно потому, что сама система генетического кодирования структурно организована на принципах одного из видов циклических кодов, давно используемых в технике (упрощенно говоря, в живых телах циклические коды обеспечивают наследование циклических процессов).

Двоичным кодом Грея порядка n называется последовательность из 2^n n -битных чисел, в котором любые два соседние числа различаются ровно в одном разряде (расстояние Хэмминга между ними равно 1). Коды Грея

разных порядков образуют иерархическое семейство, поскольку код Грея порядка $n+1$ получается из кода Грея порядка n алгоритмически (см. Приложение 1). Данные коды широко используются в технике для информационной помехоустойчивости и пр. Числа в коде Грея принципиально отличаются от двоичных чисел, хотя также состоят из последовательности нулей и единиц. Например, десятичное число 3 в двоичной записи имеет вид 011, а в коде Грея – 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

Рис. 1.2. Сравнение десятичных чисел с их представлениями в 3-битных двоичных числах и коде Грея

Fig. 1.2. Comparison of decimal numbers with their representations in the forms of 3-bit binary numbers and Gray code

2. ОРГАНИЗМ КАК ХОР ЦИКЛИЧЕСКИХ ПРОЦЕССОВ

Живой организм представляет собой огромный многоуровневый хор генетически наследуемых циклических процессов. Известные примеры циклической деятельности организма включают циклическую работу сердца и легких, суточные циклы всех физиологических систем. Белки нашего организма участвуют в непрерывных циклах «жизнь-смерть», собирающих и разбирающих их на аминокислоты. Например, период полувыведения гормона инсулина составляет 6-9 минут. Короче говоря, генетически унаследованные части нашего тела постоянно циклично умирают и возрождаются. Рассматривая подобные явления, известный физиолог А. Г. Гурвич утверждал: «Главная проблема биологии — сохранение формы при постоянном обновлении субстрата» [6].

Универсальным источником энергии для биохимических процессов живых организмов на Земле является АТФ (аденозинтрифосфорная кислота). Время жизни одной молекулы АТФ у человека составляет менее одной минуты. В течение суток одна молекула АТФ проходит в среднем 2000-3000 циклов

повторного синтеза, связанных с циклом Кребса (организм человека синтезирует около 40 кг АТФ в сутки, поскольку АТФ не может храниться) [7]. Соматические клетки организма делятся циклически (митоз клеток), что сопровождается циклической сменой стадий деления клеток. Важную роль в этом играют белки с характерным названием «циклины», концентрация которых в клетке циклически меняется. Эти взаимосвязанные циклические явления тесно переплетаются с темой внутренних биологических часов, изучение молекулярных циклических основ которых было отмечено Нобелевской премией в 2017 году (<https://www.nobelprize.org/prizes/medicine/2017/press-release/>): было показано, что все многоклеточные организмы, включая человека, используют схожий циклический молекулярный механизм внутренних часов для управления циркадными биоритмами. Эти данные современной науки о ключевой важности согласованных циклических процессов для живой материи ассоциируются с древними воззрениями на явления рождения и смерти (см., например, [8]).

Одним из показательных циклических явлений в биологии является циклический метаморфоз бабочек со следующими стадиями: бабочка-яйцо-гусеница-куколка-бабочка (Рис. 2.1).



Рис. 2.1. Циклический метаморфоз бабочек: бабочка – яйцо – гусеница – куколка – бабочка

Fig. 2.1. The cyclic metamorphosis of butterflies: butterfly – egg – caterpillar – chrysalis – butterfly

Этот метаморфоз демонстрирует работу циклических геномных автоматов. Никто не учит бабочку, как выбраться из куколки и начать летать. Но она вылезает и начинает летать циклическими махами крылышек (пример генетической циклической биомеханики). Все необходимое для этих действий и циклического метаморфоза в целом закодировано в геномной информатике, способной обеспечить наследование множественных

циклических процессов. При этом на стадии куколки бабочка ничем не питается, то есть ее атомарный состав фиксирован с начала формирования куколки. Но в результате генетически детерминированных перестроек в этом ансамбле атомов в конечном итоге возникает новый организм — бабочка.

Нейроны и мышечные единицы бабочки работают в соответствии с упомянутым выше физиологическим законом «все или ничего». Во время полета бабочки миллионы ее нейронов и мышечных единиц, каждая из которых функционирует в названном бинарном режиме «да» или «нет», действуют во взаимной координации как, своего рода генетически детерминированные бинарные автоматы, коллективная деятельность которых основана на взаимной логической координации их элементов по аналогии с координацией работы триггерных ансамблей в компьютере на основе булевой алгебры.

Такие факты привели автора к мысли, что система генетического кодирования способна кодировать наследственные циклические процессы, поскольку сама представляет собой систему циклических кодов, связанную с булевой алгеброй логики. Иными словами, рассматриваемые физиологические процессы цикличны, поскольку генетически закодированы циклическими кодами. Но в современной математике кодирования информации существует большое разнообразие типов циклических кодов. Какие циклические коды по своим характеристикам соответствуют структурной организации системы генетического кода? Автором получены доказательства в пользу важной роли семейства циклических кодов Грея для анализа и моделирования системы генетического кодирования и генетической информатики в целом.

3. БИНАРНЫЕ ОППОЗИЦИИ В ГЕНЕТИЧЕСКИХ АЛФАВИТАХ, КОДЫ ГРЕЯ И ГЕНЕТИЧЕСКИЕ МАТРИЦЫ КАРНО

В этом разделе показана полезность использования кодов Грея при структурном анализе эмерджентных свойств системы генетического кодирования в виде генетических матриц, строки и столбцы упорядоченно пронумерованы в соответствие с очередностью членов кода Грея. Эта нумерация использована автором специально по аналогии с так называемыми матричными картами Карно, известными в теории булевых функций как эффективное средство упрощения выражений булевой алгебры для

минимизации количества логических элементов в логических конструкциях [9, 10, https://en.wikipedia.org/wiki/Karnaugh_map]. Ячейки на картах Карно известны как минтермы, а каждое значение ячейки представляет соответствующее выходное значение логической функции. Генетические матрицы с упорядочением их строк и столбцов по кодам Грея мы называем генетическими матрицами Карно. Обращение автора к ним выявило связи генетического кодирования с булевыми функциями алгебры логики.

В ДНК алфавит из 4 нуклеотидов, аденина А, цитозина С, гуанина G и тимина Т, является носителем системы бинарно-оппозиционных характеристик:

1) два из этих нуклеотидов являются пуринами (А и G), а два других (С и Т) — пиримидинами, что дает представление $C = T = 0, A = G = 1$;

2) два из этих нуклеотидов являются кетомолекулами (Т и G), а два других (С и А) — аминомолекулами, что дает представление $C = A = 0, T = G = 1$.

В связи с этим алфавиты ДНК из 4 нуклеотидов, 16 дуплетов и 64 триплетов представлены на Рис. 3.1 в виде квадратных матриц, столбцы которых пронумерованы оппозиционными показателями «пиримидин или пурин» ($C=T=0, A=G=1$), а строки с оппозицией показателей «амино или кето» ($C=A=0, T=G=1$).

Двоичная нумерация столбцов и строк расположена в порядке кодовых слов соответствующих n-битных кодов Грея. В генетических матрицах Карно все моноплеты, дуплеты и триплеты автоматически занимают строго индивидуальное место. Каждая ячейка в этих матрицах, как и ее n-плет, нумеруется путем конкатенации (соединения) двоичных номеров ее строки и столбца. Например, триплет САG имеет 6-битную нумерацию 001011, поскольку расположен на пересечении строки 001 и столбца 011. Бинарный порядок нумерации всех ячеек в трех матрицах на Рис. 3.1 соответствует 2-битным, 4-битным и 6-битным кодам Грея.

Как кодируемые триплетами аминокислоты и стоп-кодона расположены в показанной матрице из 64 триплетов, построенной по простому алгоритму? Такое расположение невозможно предсказать, поскольку аминокислоты и нуклеотиды А, С, G, Т совершенно различны по строению. Количество вариантов расположения аминокислот с их повторениями для заполнения всей (8*8)-матрицы огромно: $\gg 10^{100}$ (для сравнения, в физике время жизни Вселенной оценивается в 10^{17} секунд).

		0	1
0	C	A	
1	T	G	

	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)

Рис. 3.1. Расположение 4 нуклеотидов, 16 дуплетов и 64 триплетов в генетических матрицах Карно, строки и столбцы которых нумерованы по соответствующим кодам Грея. В скобках указаны десятичные эквиваленты кодовых слов кодов Грея

Fig. 3.1. The location of 4 nucleotides, 16 duplets and 64 triplets in genetic Karnaugh matrices, the lines and columns of which are numbered on the corresponding Gray codes. In brackets, decimal equivalents of Gray codes are indicated in the brackets

Будет ли это расположение хаотичным или вдруг окажется правильно симметричным? На рис. 3.2 показан случай митохондриального кода позвоночных, который считается самым древним и симметричным среди диалектов генетического кода [11].

Оказывается, что из океана возможностей природа выбрала симметрично-правильный вариант повторения и расположения аминокислот и стоп-кодонов в матрице по коду Грея для 64 триплетов. Показанная матрица кодируемых аминокислот и стоп-кодонов состоит из таких пар соседних строк с десятичными номерами 0-1, 2-3, 4-5, 6-7, обе строки в которых идентичны по составу аминокислот и стоп-кодонов, показанных цветом.

Например, строки 0 и 1 содержат одинаковый по составу и расположению набор 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 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 Trp 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 Trp 100010 (60)	GAC Asp 100110 (59)	GAA Glu 100111 (58)	GCA Ala 100101 (57)	GCC Ala 100100 (56)

Рис. 3.2. Расположение 64 триплетов, а также кодируемых ими аминокислот и стоп-кодонов в генетической матрице Карно для триплетов (из Рис. 3.1) в случае митохондриального кода позвоночных. Используются общепринятые сокращения аминокислот и стоп-кодонов. Полуокруглые скобки по бокам матрицы по коду Грея показывают направления порядка кодовых слов 6-битного кода Грея, который нумерует 64 ячейки матрицы и их 64 триплета

Fig. 3.2. The location of 64 triplets, as well as the amino acids and stop-codons in the genetic Karnaugh matrix for triplets (from Fig. 3.1) in the case of Vertebrate Mitochondrial code. The generally accepted abbreviations of amino acids and stop-codons are used. The semicircular brackets on the sides of the matrix on the Gray code show the directions of the order of the members of the 6-bit Gray code, which numerates 64 cells of the matrix and their 64 triplets

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

Каждый тип аминокислот в матрице по коду Грея (Рис. 3.2) сгруппирован

таким образом, что занимает только те ячейки, 6-битная нумерация которых образует циклическую последовательность с единичным расстоянием Хэмминга между соседними кодовыми словами. Например, аминокислота Pro находится в клетках с номерами 000000, 000001, 001001, 001000; аминокислота Arg расположена в клетках с номерами 011011, 011010, 010010, 010011; и так далее.

Ячейки на картах Карно булевой логики известны как минтермы, а каждое значение ячейки представляет соответствующее выходное значение булевой функции. Установленный закономерный характер генетической карты Карно показывает один из примеров связи алфавитов n-плетов ДНК с системами булевых функций.

Выявлены также другие факты структурной связи молекулярной системы генетического кодирования и булевой алгебры логики (например, в силу значимости операции логического сложения по модулю 2, важного в математической логике). Но их изложение выходит за рамки статьи, имеющей ограниченный объем. Обнаружение в генетических матрицах Карно закономерных структурных симметрий открывает возможности интерпретации генетических n-плетов (дуплетов, триплетов и т. д.) как соответствующих выходных значений булевых функций. Данная связь системы генетического кодирования с математической логикой через генетические карты Карно, по-видимому, отражает ту генетически наследуемую логику взаимодействий множества элементов тела, в соответствии с которой, например, бабочка выходит из куколки и начинает летать циклическими взмахами крыльев.

Но углубленный анализ этой интерпретации, сопряженной с проблемами генетического интеллекта и его инженерных аналогов в виде искусственного геноморфного интеллекта, заслуживает отдельной публикации. Данные исследования связи между системой генетического кодирования и циклическими кодами Грея связаны с мыслями основоположника математической логики Дж. Буля и его знаменитой книгой «Исследование законов мышления, на которых основаны математические теории логики и вероятности» [12].

Можно добавить, что разработчики цифровой логики широко используют коды Грея для передачи многобитной информации в системах с синхронной логикой, работающих на разных тактовых частотах. В таких случаях считается, что логика работает в разных «регионах часов». Это

фундаментально для проектирования больших чипов, работающих на разных тактовых частотах [https://ru.wikibrief.org/wiki/Gray_code].

Перейдем теперь к анализу генетических матриц Карно на основе учета дополнительных бинарно-оппозиционных особенностей системы генетического кода.

4. ВЫРОЖДЕННОСТЬ ГЕНЕТИЧЕСКОГО КОДА И ГЕНЕТИЧЕСКИЕ МАТРИЦЫ КАРНО

Генетический код называется вырожденным, поскольку 64 триплета кодируют 20 аминокислот, а также сигналы останова синтеза белка (стоп-кодона).

Эта вырожденность связана с другой известной бинарной оппозицией, которую важно учитывать при анализе связи молекулярно-генетической системы с кодами Грея и циклическими структурами.

Речь идет о бинарно-оппозиционном разделении алфавита 64 триплетов по их кодовым свойствам на два равных субалфавита: 32 триплета с сильными корнями (т.е. триплетов, начинающихся с 8 сильных дуплетов CC, CT, CG, AC, TC, GC, GT, GG) и 32 триплетов со слабыми корнями (т.е. триплетов, начинающихся с других 8 дуплетов) [13-15].

Мы кратко называем это бинарное оппозиционное разделение оппозицией Румера. Кодовое значение триплетов с сильными корнями не зависит от буквы в их третьей позиции.

Например, четыре триплета с одинаковым сильным корнем CGC, CGA, CGT, CGC кодируют одну и ту же аминокислоту Arg, хотя в третьей позиции у них разные буквы.

Напротив, кодовое значение троек со слабыми корнями зависит от буквы в их третьей позиции. Например, в группе из четырех триплетов с одинаковыми слабыми корнями CAC, CAT, CAA и CAG два триплета (CAC, CAT) кодируют аминокислоту His, а два других (CAA, CAG) кодируют другую аминокислоту Gln. На Рис. 4.1, который в некоторых деталях повторяет Рис. 3.1, все сильные дуплеты и триплеты со слабыми корнями отмечены черным цветом, в отличие от слабых дуплетов и триплетов со слабыми корнями, обозначенных белым цветом. В этих генетических матрицах Карно видно симметричное расположение черных и белых дуплетов и триплетов: любые две ячейки, расположенные инверсионно симметрично относительно центра матрицы, имеют одинаковый цвет.

	00	01	11	10
00	CC 0000	CA 0001	AA 0011	AC 0010
01	CT 0100	CG 0101	AG 0111	AT 0110
11	TT 1100	TG 1101	GG 1111	GT 1110
10	TC 1000	TA 1001	GA 1011	GC 1010

	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

Рис. 4.1. Генетические матрицы Карно для 16 дуплетов и 64 триплетов (на основе Рис. 3.1) с черно-белой мозаикой на базе оппозиции Румера. Сильные дуплеты CC, CT, CG, AC, TC, GC, GT, GG и триплеты с этими сильными корнями отмечены черным цветом

Fig. 4.1. Genetic Karnaugh matrices for 16 duplets and 64 triplets (based on Fig. 3.1) with black and white mosaics based on the Rumer binary-opposition. Strong duplets CC, CT, CG, AC, TC, GC, GT, GG and triplets with these strong roots are marked in black

Черные и белые ячейки матриц по кодам Грея на Рис. 4.1 отражают бинарную оппозицию между сильными и слабыми дуплетами, а также бинарную оппозицию между триплетами с сильными и слабыми корнями. По этой причине сильные дуплеты, а также триплеты с сильными корнями могут быть представлены в этих матрицах элементами +1; наоборот, слабые дуплеты и триплеты со слабыми корнями представлены элементами -1. В этом представлении возникают численные матрицы по кодам Грея M_2 и M_3 (Рис. 4.2).

	00	01	11	10
00	+1	-1	-1	+1
01	+1	+1	-1	-1
11	-1	-1	+1	+1
10	+1	-1	-1	+1

	000	001	011	010	110	111	101	100
000	+1	+1	-1	-1	-1	-1	+1	+1
001	+1	+1	-1	-1	-1	-1	+1	+1
011	+1	+1	+1	+1	-1	-1	-1	-1
010	+1	+1	+1	+1	-1	-1	-1	-1
110	-1	-1	-1	-1	+1	+1	+1	+1
111	-1	-1	-1	-1	+1	+1	+1	+1
101	+1	+1	-1	-1	-1	-1	+1	+1
100	+1	+1	-1	-1	-1	-1	+1	+1

Рис. 4.2. Представления генетических матриц Карно для 16 дуплетов и 64 триплетов с Рис. 4.1 в виде численных матриц M_2 (слева) и M_3 . Индексы $n = 2, 3$ в обозначениях этих матриц соответствуют n -битным кодам Грея, используемым при нумерации их строк и столбцов. Каждая черная (белая) ячейка содержит элемент +1 (-1)

Fig. 4.2. Representations of genetic Karnaugh matrices for 16 duplets and 64 triplets from Fig. 4.1 in the form of numerical matrices M_2 (left) and M_3 . Indices $n = 2, 3$ in the designations of these matrices correspond to the n -bit Gray codes used for the numbering of their rows and columns. Each black (white) cell contains an element +1 (-1)

Имеют ли эти числовые генетические матрицы Карно M_2 и M_3 , отражающие особенности вырожденности генетического кода, какой-либо нетривиальный алгебраический смысл, связанный с темой циклических изменений? Да, имеют. Оказывается, их алгебраические свойства связаны с гиперкомплексными числами и преобразованиями циклического сдвига. Продемонстрируем это на примере анализа матрицы M_2 (аналогичный анализ

матрицы M_3 описан в препринте [16]. Генетическая матрица Карно M_2 является суммой четырех разреженных матриц e_0, e_1, e_2 и e_3 (Рис. 4.3). Каждая из этих разреженных матриц ортогональна, поскольку $e_0 e_0^T = E, e_1 e_1^T = E, e_2 e_2^T = E, e_3 e_3^T = E$, где T означает транспонирование, а E — единичная матрица. Множество этих разреженных матриц замкнуто относительно умножения и соответствует некоторой таблице умножения на Рис. 4.3 внизу. Эта таблица совпадает с таблицей умножения 4-мерной алгебры сплит-кватернионов Кокла [<https://en.wikipedia.org/wiki/Split-quaternion>], которая используется в конформной дисковой модели Пуанкаре гиперболической геометрии Лобачевского [17].

$$\begin{vmatrix} 1, -1, -1, 1 \\ 1, 1, -1, -1 \\ -1, -1, 1, 1 \\ 1, -1, -1, 1 \end{vmatrix} = \begin{vmatrix} 1, 0, 0, 0 \\ 0, 1, 0, 0 \\ 0, 0, 1, 0 \\ 0, 0, 0, 1 \end{vmatrix} + \begin{vmatrix} 0, -1, 0, 0 \\ 1, 0, 0, 0 \\ 0, 0, 0, 1 \\ 0, 0, -1, 0 \end{vmatrix} + \begin{vmatrix} 0, 0, -1, 0 \\ 0, 0, 0, -1 \\ -1, 0, 0, 0 \\ 0, -1, 0, 0 \end{vmatrix} + \begin{vmatrix} 0, 0, 0, 1 \\ 0, 0, -1, 0 \\ 0, -1, 0, 0 \\ 1, 0, 0, 0 \end{vmatrix} = e_0 + e_1 + e_2 + e_3$$

*	e_0	e_1	e_2	e_3
e_0	e_0	e_1	e_2	e_3
e_1	e_1	$-e_0$	e_3	$-e_2$
e_2	e_2	$-e_3$	e_0	$-e_1$
e_3	e_3	e_2	e_1	e_0

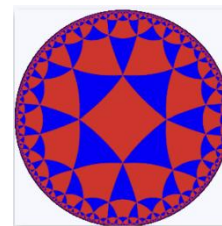


Рис. 4.3. Генетическая матрица Карно M_2 из Рис. 4.2 как сумма 4 разреженных матриц e_0, e_1, e_2 и e_3 . Их набор соответствует таблице умножения базисных элементов 4-мерной алгебры сплит-кватернионов Кокла (внизу), используемой в конформной дисковой модели Пуанкаре гиперболической геометрии Лобачевского. Показан художественный символ этой модели с сайта, на котором разрешено его свободно использовать: https://commons.wikimedia.org/wiki/Category:Poincar%C3%A9_disk_models

Fig. 4.3. Genetic Karnaugh matrix M_2 from Fig. 4.2 as the amount of 4 sparse matrices e_0, e_1, e_2 , and e_3 . Their set corresponds to the multiplication table of the basic elements of the 4-dimensional algebra of split-quaternions of Cockle (below) used in the conformal disk model of Poincare of the Lobachevsky hyperbolic geometry. The artistic symbol of this model is shown from the website, on which it is allowed to freely use it: https://commons.wikimedia.org/wiki/category:Poincar%C3%A9_disk_models

Следует отметить, что именно на основе геометрии Лобачевского Пуанкаре создал теорию автоморфных функций, которые являются обобщением периодических функций и связаны с идеологией циклов.

Эти генетические матрицы Карно ДНК-алфавитов неожиданно перекликаются с темой «голографических квантовых кодов, корректирующих ошибки», развиваемой в Калифорнийском Технологическом Институте США в связи с той же дисковой моделью Пуанкаре и ее замощениями (Рис. 4.4). Разработка этой голографической темы возглавляется J.Preskill, директором Института Квантовой Информатики и Материи в Калтехе.

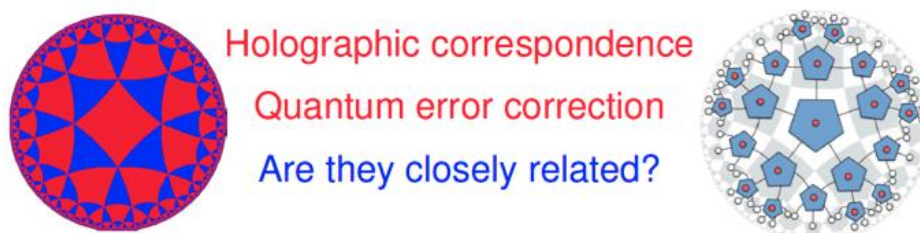


Рис. 4.4. *Иллюстрация J.Preskill к теме голографического квантового кода из презентации на Американском Физическом Обществе в 2016г.;*

воспроизводится с разрешения автора с сайта

<http://theory.caltech.edu/~preskill/talks/APS-March-2016-preskill.pdf>

Fig. 4.4. *Illustration by J.Preskill on the topic of holographic quantum code from a presentation at the American Physical Society in 2016; reproduced with permission from the author from website*

<http://theory.caltech.edu/~preskill/talks/APS-March-2016-preskill.pdf>

Алгебраические свойства генетических матриц Карно M_2 и M_3 (из Рис.4.2) имеют характерные связи с циклическими сдвигами внутри каждого из номеров (кодовых слов) кодов Грея, которые нумеруют их строки и столбцы. Например, в случае матрицы M_2 при циклическом сдвиговом преобразовании предыдущий набор нумераций 00, 01, 11, 10 становится новым набором нумераций 00, 10, 11, 01, использование которого сопровождается перестановкой строк и столбцов матрицы и изменением ее черно-белой мозаики. Но эта новая матрица оказывается суммой таких новых четырех разреженных матриц, набор которых вновь замкнут относительно умножения и соответствует той же самой таблице умножения алгебры 4-мерных сплит-кватернионов Кокла, показанной на Рис. 4.3 (см. подробности в препринте [16]).

Указанные числовые генетические матрицы Карно M_2 и M_3 (Рис. 4.2) являются циклопорождающими операторами [16]. Поясним это на примере матрицы M_2 . Рассмотрим произвольную 4-параметрическую систему, поведение которой во времени описывается вектором $\bar{Y} = [f_0(t), f_1(t), f_2(t), f_3(t)]$, координаты которого являются произвольными периодическими функциями $f_i(t)$, независимыми друг от друга. Действие на этот вектор генетической матрицы Карно M_2 порождает вектор, координаты которого не только взаимозависимы, но и состоят из пар, равных по величине и противоположных по знаку. Выражение (4.1) показывает действие матрицы M_2 на такой вектор:

$$[f_0(t), f_1(t), f_2(t), f_3(t)] * M_2 = [f_0 + f_1 - f_2 + f_3, -f_0 + f_1 - f_2 - f_3, -(f_0 + f_1 - f_2 + f_3), -(-f_0 + f_1 - f_2 - f_3)] = \bar{X} \quad (4.1)$$

В порожденном векторе \bar{X} (4.1) синхронизировано циклическое поведение координат $X_0(t)$ и $X_2(t)$, обозначенных желтым цветом: при каждом значении t эти координаты равны по амплитуде и противоположны по знаку (комплементарность относительно знаков), то есть их периодическое поведение происходит всегда в противофазе. То же самое справедливо и для отношений между координатами $X_1(t)$ и $X_3(t)$, обозначенными зеленым цветом. Это означает, что действие генетической матрицы Карно M_2 на произвольные 4-мерные векторы с периодическими координатами вносит циклическое упорядочение в координаты порождаемого вектора. Образно говоря, циклы порождают циклы.

Кроме того, этот генетический матричный оператор M_2 всегда порождает новые системы бинарных оппозиций при воздействии на произвольные 4-мерные векторы в соответствии с (4.1).

Образно говоря, система генетического кода организована таким образом, что ее наборы бинарных оппозиций порождают новые множества бинарных оппозиций (под действием генетических матриц Карно, основанных на бинарно-оппозиционных особенностях молекулярных алфавитов ДНК и РНК).

Это важно, поскольку многие совокупности наследственных физиологических и генетических структур основаны на бинарных оппозициях и имеет место упомянутый выше фундаментальный физиологический закон бинарного типа «все или ничего».

5. ГЕНЕТИЧЕСКИЕ МАТРИЦЫ КАРНО И ГЕОМЕТРИЯ ЛОБАЧЕВСКОГО

Представленные данные ставят вопрос о том, почему система генетического кодирования сопряжена с конформной дисковой моделью Пуанкаре гиперболической геометрии Лобачевского (Рис. 4.3)? Автор полагает, что это может быть связано с теорией автоморфных функций и фундаментальным значением циклической организации для живых тел. Дело в том, что именно на основе свойств гиперболической геометрии Лобачевского А. Пуанкаре разработал теорию автоморфных функций, которые являются обобщением периодических функций и связаны с идеологией циклов. Эта алгебраическая теория использует действия дискретных групп преобразований на функции. Многие наследственные биологические симметрии связаны с соответствующими неевклидовыми симметриями конформно-геометрического типа (цикломерии и др.), которые расширяют классические биосимметрии подобия А.В. Шубникова [18].

В мире появляется все больше публикаций разных авторов о структурной связи биологических феноменов с гиперболической геометрией Лобачевского. Перечислим некоторые из них. В соответствии с пионерской работой [19] пространство бинокулярного зрительного восприятия описывается гиперболической геометрией. За этим открытием последовало множество работ в разных странах, где идея неевклидова пространства зрительного восприятия была расширена и уточнена. По данной теме особенно тщательной является работа, изложенная в статье [20]. В ней на основе экспериментов с участием около 200 наблюдателей было получено около 1300 зрительных паттернов различного рода. Эти эксперименты подтвердили не только то, что пространство зрительного восприятия описывается гиперболической геометрией, но и то, что модель диска Пуанкаре (или конформная) является адекватной моделью этой геометрии. Данная статья завершается словами: *«Модель гиперболического пространства Пуанкаре, впервые примененная для отображения зрительного пространства, показывает достаточно хорошее согласие с экспериментальными результатами»* [20].

Статья [21] описывает результаты 20-летних исследований автором пространственно-временной организации локомоций человека и животных. Эти результаты говорят о сопряжении локомоций с гиперболической

геометрией. В свете этого автор использовал в статье термины «релятивистская биомеханика» и «локомоторная теория относительности». Публикации [22, 23] демонстрируют сопряжение морфогенетических феноменов филлотаксиса с гиперболической геометрией. Статья [24] представляет гиперболическую геометрию пространства обонятельного восприятия. Основным психофизический закон Вебера-Фехнера, которому подчиняются все виды нашего сенсорного восприятия мира - зрительное, слуховое, обонятельное, тактильное, вкусовое и пр., также связан с гиперболической геометрией [25]. Существенно, что генетически наследуемый закон Вебера-Фехнера является законом далеко не только нервной системы. Он также выполняется для низших организмов, не имеющих нервных клеток: *«этот закон применим для хемотропических, гелиотропических и геотропических движений бактерий и грибов и антерозоидов папоротников, мхов и явнобрачных.... Закон Вебера-Фехнера, следовательно, — не закон нервной системы и центров, но закон протоплазмы вообще и ее способности отвечать на раздражения»* [26].

Гиперболическая геометрия Лобачевского имеет значение также для современной проблематики искусственного интеллекта, стремящегося воспроизвести в технических устройствах наследуемые способности генетического интеллекта. Среди этих устройств видное место занимают «глубокие нейронные сети» или ГНС (deep neural network). Они представляют собой искусственные нейронные сети с промежуточными слоями между входным и выходным слоями. Такие сети находят корректный метод математических преобразований, чтобы превратить входные данные в выходные, независимо от линейной или нелинейной корреляции. Сеть продвигается по слоям, рассчитывая вероятность каждого выхода. Каждое математическое преобразование считается слоем, а сложные ГНС имеют много слоев, в связи с чем называются глубокими сетями. Сначала ГНС создает карту виртуальных нейронов и назначает случайные числовые веса соединениям между ними. Веса и входные данные умножаются и дают выходной сигнал от 0 до 1. Если сеть не точно распознала конкретный шаблон, алгоритм будет корректировать весовые коэффициенты до тех пор, пока не определит коэффициенты, правильно обрабатывающие данные. На этих сетях строится глубокое обучение, при котором каждый последующий слой получает на входе выходные данные предыдущего слоя и которое нашло применение в таких областях, как компьютерное зрение,

распознавание речи, обработка естественного языка, аудиораспознавание, и пр.

Обширный класс глубоких нейронных сетей опирается на гиперболическую геометрию Лобачевского (см., например, [27-29]). Привязка многих цифровых технологий к выигрышным свойствам гиперболической геометрии вносит новые возможности с нашу жизнь. Занимаясь онлайн цифровым бизнесом мы не учитываем, что в нем мы во все большей степени опираемся на гиперболическую геометрию Лобачевского и ее конформную модель Пуанкаре, с которыми структурно сопряжена система генетического кодирования. При этом многослойный характер глубоких нейронных сетей с их вероятностными методами напоминает проводимое нами изучение статистической организации геномных ДНК [30]. Это изучение, приведшее к обнаружению универсальных правил статистической организации нуклеотидных последовательностей геномных ДНК высших и низших организмов, также проводилось автором с учетом известной тесной связи теории вероятностей с абстрактной булевой алгеброй логики [3].

По теме сопряжения конформно-геометрических структур с биоморфологией следует также отметить книгу выдающегося математика в области алгебраической геометрии Д. Мамфорда с соавторами [31], переведенную на русский язык. Она подробно раскрывает тему дискретных конформно-геометрических групп Клейна (входящих в общую группу преобразований Мебиуса) и связанных с ними симметрий, фракталов и логарифмических спиралей, которые предощущал Клейн и которые можно использовать для моделирования генетически наследуемых фрактальных и иных биоструктур. В частности, параграф на стр. 64 называется «От сдвигов к створчатым раковинам». Описываемые в книге группы Клейна и Шоттки могут оказаться одним из ключей к теме генетического наследования симметрических, фрактальных и циклических биоструктур, включая сам генетический код. Мамфорд является с 2016 года иностранным членом РАН, и ряд лет был президентом Международного математического института; серия его книг переведена на русский язык (https://ru.wikipedia.org/wiki/Мамфорд,_Дэвид).

На основе аналогий между структурными свойствами системы генетического кодирования и кодами Грея автором развивается семейство моделей циклической генетической биомеханики на основе модельного постулата: живые организмы есть циклически кодированные циклические

сущности. Укажем некоторые дополнительные инструменты, используемые при таком моделировании.

Взаимная замена в коде Грея бинарных символов $0 \leftrightarrow 1$ (операция комплементарности) порождает комплементарную циклическую последовательность со сдвинутой очередностью членов и единичным расстоянием Хэмминга между соседними членами. Применение этой операции комплементарности к новой последовательности порождает исходный код Грея, ассоциируясь с самоудвоением и размножением ДНК (Рис. 5.1).

Исходный код Грея:	000-001-011-010-110-111-101-100
Комплементарный код Грея:	111-110-100-101-001-000-010-011

Рис. 5.1. *Комплементарное соответствие двух кодов Грея при замене символов $0 \leftrightarrow 1$*

Fig. 5.1. *Complementary correspondence of two Gray codes when replacing symbols $0 \leftrightarrow 1$*

Известно, 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 нитях ДНК, определяет трехмерную морфологию живых тел.

Важно, что пространственная упаковка хроматина в геноме человека оказывается соответствующей именно кривой Гильберта [32], представляющей собой ее полимерную фрактальную трехмерную глобулу, изображенную на обложке журнала «Science» (Рис. 5.2).

Система генетического кодирования носит дискретный характер, поскольку она построена на дискретных алфавитах нуклеотидов, аминокислот и т. Д. Кроме того, ее структуры, как отмечалось выше, тесно связаны с бинарными оппозициями и диадическими группами бинарных чисел (кодовые слова циклических кодов Грея принадлежат этим диадическим группам).

Рассмотрение циклических биопроцессов, моделируемых на основе кодов Грея и диадического исчисления, предполагает существование соответствующих диадических часов. Такие диадические часы, связанные с кодами Грея и используемые для описания движений, были введены и

подробно описаны в книге [33].

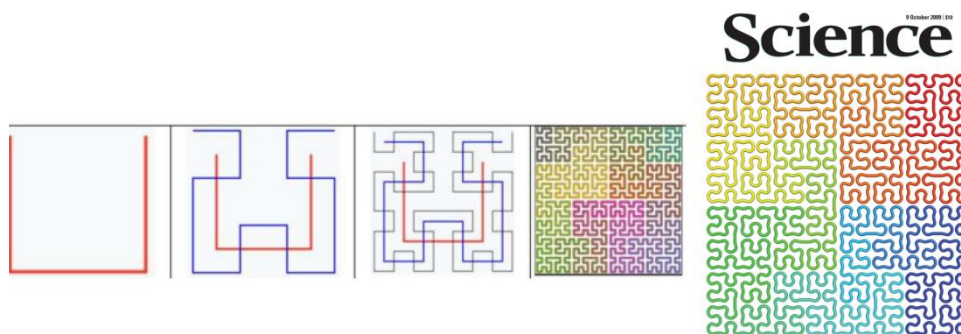


Рис. 5.2. Фрактальные кривые Гильберта разных порядков и их пример (справа) на обложке журнала «Science» (т. 326, 5950, т. 326, 5950, 2009) в связи с обнаружением их значимости для пространственной упаковки хроматина в геноме человека

Fig. 5.2. Fractal Hilbert curves of different orders and their example (right) on the cover of the journal “Science” (vol. 326, 5950, v. 326, 5950, 2009) in connection with the discovery of their significance for the spatial packaging of chromatin in the human genome

В этой книге анализируется переход к дискретному пространству и времени вместо их континуальной версии. Алгебраический аппарат для работы с дискретным пространством и временем основан на диадическом исчислении и функциях Уолша с применением кодов Грея. Разработанный Хармутом аппарат использует разностные уравнения вместо дифференциальных уравнений. Эффективность этого аппарата демонстрируется в книге примерами вывода дифференциальных уравнений физики, например, дифференциальных уравнений Шредингера, Клейна-Гордона и Дирака в кулоновском поле.

Концепции диадического времени и диадического пространства Хармута связаны с его теорией секвентного анализа [33-35], которая породила многие технические приложения (см., например, [36, 37]). Перечислим некоторые из них, поскольку можно предполагать, что они имеют аналоги в живых телах, в силу структурной связи системы генетического кодирования с кодами Грея и функциями Уолша [14, 38]. Эта теория глубоко проникла в радиоинженерию, телевидение, компьютерные технологии, акустику, сейсмографию, аэрокосмическую фото- и видеографию, оптику и физику. На основе секвентного анализа были созданы кардинально новые системы связи, устройства мгновенной обработки изображений, а также подводные

устройства акустического кино с высокой частотой кадров. Были разработаны системы логической голографии на основе функций Уолша [39]. Благодаря секвентному анализу удалось обойти проблему поглощения радиоволн и акустических волн на высоких частотах. Сам Хармут создал в США принципиально новую систему для создания изображений акустических пленок с частотой кадров до 10^5 в секунду. На основе секвентного анализа были разработаны высокоскоростные фильтры и процессоры пространственных и временных сигналов. Функции Уолша обеспечивают быстрое и эффективное сжатие данных без потери полезной информации.

В области антенной технологии появилась антенна Уолша, в которой временная зависимость тока возбуждения определяется функциями Уолша и которая имеет уникальные функциональные особенности. Например, сгенерированная электромагнитная волна получает отметку диапазона. Следовательно, для оценки расстояния между антенной Уолша и наблюдателем достаточно зарегистрировать форму сигнала только в одной точке в пространстве (классическое электромагнитное поле, излучаемое диполем Герца, не имеет этого свойства). Круговые поляризованные электромагнитные волны Уолша позволяют отличить рассеивающий объект от отражающего объекта. Несинусоидальные электромагнитные волны, асимметричные по полярности, позволяют отличить проводящий объект от непроводящего. Антенна Уолша также отличается от диполя Герца тем, что электромагнитное поле Уолша имеет доплеровскую инвариантность; эта особенность волн Уолша, как отметил Хармут, дает астрономам надежду на возможность установления общения с внеземными цивилизациями, поскольку для такого общения эти цивилизации должны использовать электромагнитные волны, инвариантные в отношении доплеровского сдвига частот. При разработке будущих моделей наследственных циклических биопроцессов, включающих электромагнитные волны, необходимо учитывать возможность участия циклически функционирующих антенн Уолша в био-антенных решетках организмов.

Примером наследуемых способностей к осознанным действиям служит эхолокация у дельфинов, летучих мышей и пр. Дельфин за счет своей сонарной системы биоантенн на высоких скоростях лоцирует дробинку, упавшую в воду на расстоянии 15 м; различает размеры предметов одинаковой формы, отличающиеся на единицы процентов, их материал;

различает подобно томографу детали внутреннего строения и форму объектов, находящихся в воде или слое ила; на расстоянии в 3 км различает породу и размеры рыб.

Свойства его антенной системы ассоциируются с подобными свойствами цифровых антенных систем современной техники, называемых Интеллектуальными антеннами (Рис. 5.3).

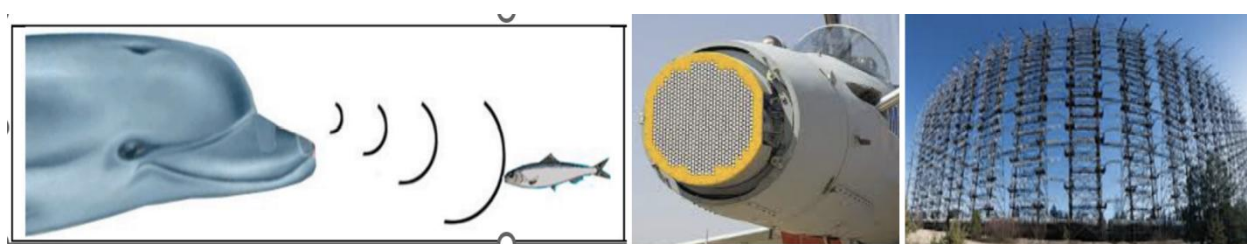


Рис. 5.3. Эхолокация дельфинов как пример наследуемой способности животных к высоко организованной сознательной деятельности со свойствами, похожими на свойства цифровых интеллектуальных антенн техники [38]

Fig. 5.3. Dolphin echolocation as an example of the inherited ability of animals to highly organized conscious activity with properties similar to the properties of digital intelligent antennas of technology [38]

6. ГЕНЕТИЧЕСКИЙ КОД БУЛЕВЫХ ФУНКЦИЙ

Эпохальное открытие генетического триплетного кода аминокислотных последовательностей белков выявило молекулярную общность генетического кодирования в многообразии видов живых организмов. Однако, очевидно, что знания закономерностей генетического кодирования аминокислотных последовательностей недостаточно для понимания и объяснения множества наследственных процессов и принципов алгоритмического характера в живом: врожденных координированных движений живых тел, врожденных принципов сенсорного восприятия и обработки информации (в том числе, основного психофизического закона Вебера-Фехнера), врожденных инстинктов и пр. С учетом всех результатов и фактов, изложенных в данной статье и предыдущих публикациях, автор постулирует существование помимо генетического триплетного кода аминокислотных последовательностей также другого вида генетического кода, на структурах которого базируется кодирование логических взаимодействий наследуемых физиологических структур. Этот код, имеющий алгебрологический характер

и представленный в последовательностях нуклеотидов, дуплетов, триплетов и, вообще, n -плетов ДНК и РНК, автор называет «генетическим кодом булевых функций» или, для краткости, «генетическим булевым кодом» (его можно также именовать «генологическим кодом», как это делалось в ряде предыдущих публикаций автора [40-44]).

Рассмотрим отличия между известным генетическим кодом аминокислотных последовательностей белков (будем кратко называть его «аминокислотным кодом») и генетическим булевым кодом. Аминокислотный код привязан к наследуемым белкам и говорит о том, какие из аминокислот белка кодируются теми или иными триплетами. При этом аминокислоты и кодирующие их триплеты являются очень различными полиатомными конструкциями, между параметрами которых нет видимого соответствия; это проявляется, в частности, в вырожденности аминокислотного кода, в котором одна аминокислота может кодироваться несколькими существенно разными триплетами.

Касаясь генетического булева кода, отметим, что в теории булевых функций булевы вектора являются m -мерными, имея целый ряд координат. Поэтому m -мерные булевы вектора могут быть сопоставлены полиатомным конструкциям нуклеотидов, дуплетов, триплетов и, вообще, n -плетов. Соответственно, генетический булев код может быть совсем не вырожденным в отличие от аминокислотного кода. При этом он относится не только к триплетам, но, вообще, к n -плетам. Речь идет о том, что в генетическом булевом коде множество n -плетов ($n = 1, 2, 3, 4, \dots$) кодирует множество булевых функций, вектора которых имеют соответствующую мерность, т.е. блочные полиатомные конструкции n -плетов соответствуют многомерным булевым векторам. Подобное «межблочное» кодирование представляется естественным для такой многоблочной конструкции, какой является живой организм. При этом полиатомная конструкция n -плетов (дуплетов, триплетов и пр.) строится на закономерном строчном объединении относительно простых полиатомных молекул четырех нуклеотидов А, С, G, Т. По аналогии с этим, 2^n -мерные булевы вектора, моделирующие генетические n -плеты, могут представляться последовательными соединениями тех простейших 2-мерных булевых векторов $[0,0]$, $[0,1]$, $[11]$, $[1,0]$, которые характеризуют эти четыре нуклеотида. Для развития теории генетического булева кодирования могут быть использованы уже имеющиеся в математике результаты исследований

по булевым функциям в теории кодирования и криптографии (см., например, книгу [45]). Также следует использовать ведущиеся во всем мире работы по саморегуляции и самооптимизации компьютерных систем на булевой логике, которые с точки зрения генетического кода булевых функций представляются полезными для понимания принципов саморегуляции и самоорганизации в живых телах.

Автор полагает, что описываемый генетический булев код, служащий кодированию булевых функций, играет ключевую роль в реализации генетического интеллекта. Он служит наследованию из поколения в поколение способностей организма к логическим действиям в ходе онто- и филогенетического развития в изменяющихся условиях питания и внешних воздействий. Его можно рассматривать, в частности, как инструмент наследования эпигенетических особенностей организма.

Введение и обоснование генетического кода булевых функций имеет целью, прежде всего, привлечь внимание исследователей к возможности применения теории булевых функций и математической логики к исследованиям генетической системы и ансамблей согласованных циклических процессов, составляющих основу любого организма. При этом в руках исследователей загадок живой материи оказываются эффективные формализмы логических операций и логических функций, диадических групп бинарных чисел, кодов Грея, функций Уолша, логической голографии и спектральной логики систем булевых функций. Система генетического кодирования приобретает интегрированный характер, включающий помимо кодирования аминокислотных последовательностей белков, также кодирование наследуемых алгебрологических механизмов функционирования организма. ДНК является важной частью этой интегрированной кодирующей системы, особенности которой отражаются в бинарно-оппозиционных структурах ДНК-алфавитов и свойствах вырожденности генетического кода аминокислот. Ниже мы дополнительно отметим ряд преимуществ, даваемых таким интегрированным подходом с участием булева кодирования в понимании генетических и, вообще, физиологических феноменов.

Автор предлагает рассматривать живой организм как генетически унаследованную огромную сеть биотриггеров различных типов и различных биологических уровней, включая триггерные подсети белков тубулина, мышечных волокон, нейронов и т.д. С этой точки зрения, биологическая

эволюция может быть представлена как процесс самоорганизации и саморазвития систем биотриггерных сетей. Соответственно, дарвиновский принцип естественного отбора может интерпретироваться в определенной степени как естественный отбор сетей биотриггеров, а также соответствующих систем логических функций для скоординированной работы данных сетей.

В свете этого представляется естественным, что генетическая система, которая обеспечивает передачу соответствующих логических сетей вдоль цепи поколений, также построена на принципах диадических групп и операций булевой алгебры логики.

Мысли об аналогии между функционированием живых организмов и компьютеров существовали давно (см., например, [46-49]). Наши результаты изучения молекулярно-генетических систем дали прямую демонстрацию того, что генетическая информатика, т.е. информационная основа организмов, работает на базе логических операций булевой алгебры и диадических групп бинарных чисел; это важно, поскольку уровень молекулярно-генетической системы является более глубоким, чем ранее рассматриваемые разными авторами вторичные наследуемые уровни нервной системы или отдельных видов белков, таких как упомянутый выше тубулин.

Согласно нашей концепции системно-резонансной генетики [50], бинарно-оппозиционные виды молекулярных резонансов колебательных систем со многими степенями свободы могут использоваться в организации бинарных биокомпьютеров, работающих с генетическими системами диадических групп и булевых функций.

Генетику можно и нужно дополнительно развивать как науку о генетических системах логических функций. Результаты этих разработок могут быть использованы не только для более глубокого понимания живой материи, но и для прогресса в области искусственного интеллекта, где математическая логика играет ключевую роль. Для этого необходимо разрабатывать компьютерные системы и теоретические модели, основанные на специальном наборе логических функций, связанных с генетическими системами.

Обнаружение генетического кода булевых функций позволяет, в частности, объяснить целый ряд трудных вопросов современной генетики как науки, включая следующие.

Вопрос № 1. Данный вопрос касается вырожденности генетического кода аминокислот, где 64 триплета кодируют 20 аминокислот и сигналы начала и окончания синтеза белка, причем каждую из аминокислот кодируют несколько триплетов. По этой причине любой фрагмент аминокислотной последовательности в белках имеет множество различных вариантов его кодирования разными триплетами. Например, рассмотрим короткую последовательность из 3 аминокислот: Ser-Pro-Leu. В стандартном генетическом коде аминокислота Ser кодируется 6 триплетами (TCC, TCT, TCA, TCG, AGC, AGT), аминокислота Pro — 4 триплетами (CCC, CCT, CCA, CCG), аминокислота Leu – 6 триплеями (CTC, CTT, CTA, KTG, TTA, TTG). В силу этого короткая последовательность Ser-Pro-Leu может быть закодирована посредством 144 ($=6*4*6$) различных вариантов последовательности из 3-х триплетов: TCC-CCC-CTC, TCT-CCT-CTG, AGT-CCT-TTG и т. д. Если принять во внимание более длинные последовательности аминокислот (некоторые белки имеют последовательности из многих тысяч аминокислот), то число вариантов их кодирования триплетами быстро возрастает до астрономических величин. Зачем живому веществу такое колоссально избыточное количество вариантов кодирования, которое может существенно усложнить работу надежной системы кодирования? Это сложный вопрос, не имевший удовлетворительного объяснения в современной науке.

Положение о генетическом булевом кодировании дает следующий ответ на данный вопрос. Молекулы ДНК (РНК) являются носителями как минимум двух различных генетических кодов: в одном из них триплеты кодируют аминокислоты, а во втором те же триплеты (или, в общем случае, n-плеты) кодируют генетические системы булевых функций. В этом случае существование множества различных вариантов последовательностей триплетов, кодирующих одну и ту же аминокислотную последовательность, имеет смысл, поскольку любые две разные последовательности триплетов, кодирующие одну и ту же аминокислотную последовательность, одновременно кодируют разные системы булевых функций. Можно полагать, что аминокислотная последовательность, кодируемая первым набором триплетов, предназначена для совместной работы с одной из генетических систем булевых функций; при этом та же самая аминокислотная последовательность, кодируемая другим набором триплетов, предназначена для работы во взаимодействии с другой генетической системой булевых

функций. Это означает, что в живых организмах каждый из белков предназначен для использования в различных кодируемых системах булевых функций и логических действий, коль скоро этот белок может кодироваться разными последовательностями триплетов. Другими словами, каждый белок потенциально связан со многими вариантами кодированных генетических булевых функций и систем логических взаимодействий. Соответственно, судьба белка в живом организме зависит от его связи с одной из возможных кодирующих генетических систем булевых функций. Это коррелирует с известным явлением, что одни и те же виды белков могут использоваться в конструкциях самых разных органов, каждый из которых строится посредством своих алгебрологических процессов. Можно также отметить, что одни и те же органы у разных биологических видов могут быть построены из разных белков, хотя они выполняют одну и ту же функцию и зачастую сходны друг с другом по своей морфологии. Например, глаза, выполняющие информационную функцию органов зрения, строятся у разных видов подчас из очень разных биохимических веществ. Эти факты дают дополнительные свидетельства биологической значимости наследуемых алгоритмических процессов, закодированных на основе генетического кода булевых функций.

Вопрос № 2. Второй вопрос касается существования в нуклеотидных последовательностях ДНК интронов, которые не кодируют белки (в отличие от экзонов) и составляют подавляющую часть в геномных последовательностях. Зачем же вообще нужны интроны? С точки зрения генологического кода булевых функций, интроны являются участниками генетических систем булевых функций, необходимых для наследования логических взаимосвязей и логических операций в многокомпонентных частях развивающегося живого организма. Они делают это в наследуемом взаимодействии с экзонами, соседствующими с ними в информационных последовательностях ДНК.

Вопрос № 3. Третий вопрос касается проблемы прыгающих генов (транспозонов) в информационных последовательностях ДНК [51]. Их открытие было отмечено Нобелевской премией 1983 года. Транспозоны представляют участки ДНК, способные к передвижению (транспозиции) и размножению в пределах генома. Они формально относятся к так называемой не кодирующей части генома, которая в последовательности оснований ДНК не несёт информацию об аминокислотных

последовательностях белков. У разных видов транспозоны распространены в разной степени: так, у человека транспозоны составляют до 45 % всей последовательности ДНК; у плодовой мухи *Drosophila melanogaster* – 15-20% всего генома; у растений транспозоны могут занимать основную часть генома, например, у кукурузы *Zea Mays* с размером генома в 2,3 миллиарда пар оснований они составляют порядка 85%. Положение о генетическом коде булевых функций связывает транспозоны, не участвующие в кодировании белков, именно с этим алгебрологическим кодом и насущной задачей наследования логических взаимодействий между множеством наследуемых частей единого организма, развивающегося в сложных условиях взаимодействия с окружающим миром. Скачки транспозонных фрагментов ДНК необходимы для изменения кодирующих систем булевых функций без изменения аминокислотной последовательности в кодируемой белке.

Вопрос № 4. Почему алфавиты ДНК и РНК — вместе с числовыми характеристиками вырожденности генетического кода — связаны с диадическими группами бинарных чисел и функциями Уолша? С точки зрения генетического кода булевых функций эта связь важна для генологического наследования логически взаимосогласованных циклических и иных процессов, поскольку диадические группы тесно сопряжены не только с булевой алгеброй логики, но и с ортогональными системами функций Уолша, являющимися алгебраическими характеристиками диадических групп и имеющими взаимно однозначное соответствие с кодами Грея. Диадогрупповая структура ДНК- и РНК-алфавитов связывает генетику с булевой алгеброй логики для наследования взаимосогласованных алгоритмических процессов и объединения отдельных элементов в целостный организм с его квазиголографическими свойствами, морфогенезом и другими физиологическими феноменами.

Для разработки теории генетического кода булевых функций необходимо изучение возможных вариантов естественных связей молекулярно-генетических ансамблей с системами булевых функций и методов их анализа, разработанных в математике, в том числе спектральной логики с использованием функций Уолша и тензорного (или кронекеровского) произведения матриц [52-54]. В этих известных математических методах особое внимание уделяется спектрам Уолша-Адамара и диадическим автокорреляционным характеристикам систем булевых функций. Существуют разные классы булевых функций: линейные, самодуальные,

антиавтодуальные, пороговые и другие. Знание класса булевых функций важно для синтеза устройств, реализующих сложные логические функции или их системы, поскольку для каждого из таких классов известны конкретные методы синтеза. Для получения этих знаний традиционно используются диадические автокорреляционные характеристики, совпадающие с диадическими свертками [55]. Статья [56] является, насколько мы можем судить, первой работой, в которой в связи с концепцией генологического кодирования описаны исходные модели молекулярно-генетических ансамблей как систем булевых функций и элементов алгебры логики. Описанные представления следует рассматривать как исходный материал для дальнейших исследований генетических систем и наследуемой физиологии с позиций булевой алгебры логики и спектральной логики, для более глубокого понимания живой материи и развития «алгебологической биологии», биотехнологий, медицины (включая регенерацию тканей и музыкальную терапию [57-59]).

Биологические организмы в результате наследуемых механизмов морфогенеза наделены телесными формами, который традиционно описываются на языке геометрии. Например, в живых телах широко известны фрактальные геометрические структуры типа фрактального дихотомического дерева легочных бронхов с 23 уровнями ветвления. Можно ли к моделированию таких геометрических биоструктур применить аппарат алгебраической логики? При попытках ответа на данный вопрос следует учитывать существование теории фрактальной логики, в которой рассматриваются связи геометрических фракталов с логическими конструкциями (см. книгу «Фрактальная логика» [60]). При этом фрактальная логика представляется в первом приближении как набор понятий и представлений, основанных на принципах фрактальной геометрии, применяемых к логическим объектам с бесконечным количеством значений. Фрактальная логика использует представления о фракталах в целях описания процессов мышления, формализации фрактальных структур понятий, суждений и умозаключений для анализа и моделирования процессов принятия решений в системах искусственного интеллекта. Можно ожидать, что сближение нашей аргументируемой концепции алгебологического генетического кодирования с концепцией фрактальной логики является необходимым и полезным для развития алгебологической биологии, искусственного интеллекта и ряда смежных областей.

Без обращения к математической логике трудно подступиться к моделированию и пониманию множества биологических феноменов. Примером может служить феномен движения одноклеточного организма *Mixotricha Paradoxa* (https://ru.wikipedia.org/wiki/Mixotricha_paradoxa). Он движется за счет находящихся на его поверхности 250 тысяч спиральных бактерий *Treponema spirochetes*, спиральные жгутики которых согласованно скручиваются как единое целое, обеспечивая целесообразное движение этого организма на нужных направлениях и скоростях за счет логических взаимодействий и логического управления (Рис. 6.1).



Рис. 6.1. Одноклеточный организм *Mixotricha Paradoxa*, целенаправленно движущийся в нужные стороны с нужными скоростями за счет логически согласованного действия жгутиков 250 тысяч бактерий *Treponema spirochetes* на его поверхности

Fig. 6.1. The single-celled organism *Mixotricha Paradoxa* moves purposefully in the right directions at the right speeds due to the logically coordinated action of the flagella of 250 thousand *Treponema spirochetes* bacteria on its surface

Водоросли вольвокс - колониальные подвижные организмы, состоящие из множества жгутиковых одноклеточных и целенаправленно передвигающиеся за счет логически согласованного биения жгутиков всех клеток. В биологии вообще считается, что многоклеточные организмы эволюционировали от одноклеточных через такие колониальные формы. Можно полагать, что основы логических взаимосвязей между компонентами колониальных организмов перешли к многоклеточным организмам, включая человека.

Целостные организмы, решая коллективные задачи, также взаимодействуют между собой на основе врожденных логических механизмов без необходимости сложного индивидуального обучения. В качестве примеров приведем следующие явления:

1) танец пчел с передачей информации другим пчелам о пути к местонахождению пищи через логику движений; 2) коллективизм в колонии муравьев, где каждый муравей имеет свою специализацию, но действует в интересах колонии, от выживания которой зависит их жизнь. При этом действует сложная система коммуникации между особями для общих целенаправленных действий (можно условно говорить, что муравейник обладает «коллективным логическим сознанием»); 3) многомиллионные коллективы термитов наделены коллективным логическим сознанием («мега мозгом» — <https://dzen.ru/a/ZppBuZwBUHb4aYU3>), творящим немислимое для отдельного насекомого. Они строят термитники до 13 метров высотой с огромной системой воздухопроводов и жилых камер с целью поддержания определенной влажности и температуры, необходимых для их жизнедеятельности. Ведут сельское хозяйство, выращивая в термитниках грибы для прокорма колонии, и пр.

Представляется, что биологическая самоорганизация в целом строится на наследуемой логике взаимодействий, сопряженной с булевой алгеброй логики, с которой связана система генетического кодирования и фундаментальный закон «все или ничего» активных биотканей. Интеллектуальная мощь живых тканей учитывает законы окружающего мира и подстраивает живые тела под них через свои алгебрологические принципы функционирования. Другими словами, имеет место интеллектуальная мимикрия живого организма под эти законы, напоминающая известные феномены мимикрии внешнего вида организмов под окружающую обстановку: например, хамелеон изменяет свой цвет, осьминоги могут менять окраску и форму тела, и пр.

В общем философском и трудно определяемом понятии «сознания» я предлагаю выделить как его подраздел — «коллективное алгебрологическое сознание».

Для моделирования его проявлений можно использовать формализмы булевой алгебры логики, связанной с генетическим кодированием, фундаментальным законом «все или ничего» активных биотканей и пр.

На этом пути видится взаимное обогащение биологии и инженерии, поскольку на основе булевых операторов (функций) в технике строятся многотактные схемы с конечно-автоматными отображениями, имеющие память и содержащие циклы в отличие от одноктактных схем, не имеющих памяти.

Э. Шредингер писал: *«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»* [61]. В связи с этим отметим, что ферменты организма работают в миллион раз эффективнее, чем лучшие катализаторы в лабораториях. Биологические ферменты могут ускорить получение результатов химических реакций в 10^{10} – 10^{14} раз [62]. Мы полагаем, что такая сверхэффективность ферментов в организмах определяется не только законами физики, но и алгебрологическими алгоритмами генологического кодирования, и поэтому — по Шредингеру — эта сверхэффективность не может быть сведена к обычным законам физики.

Дж. Буль создал свою математику логики для описания законов мышления. Выдвигаемое и аргументируемое нами утверждение о существовании генетического кода булевых функций говорит о том, что наше генологически закодированное тело создано на основе тех же законов логики, на которых строятся наши мысли (единство законов мысли и тела). Это дает новый материал для дискуссии по старой проблеме: что первично — мысль или материя?

Если наша мысль построена по тем же принципам, по которым построено наше тело, то вся интеллектуальная деятельность человека, включая создание теоретических наук, может рассматриваться как подчиненная алгебрологическим механизмам генетики. Эта интеллектуальная деятельность напоминает инстинктивную деятельность некоторых животных, инстинктивно создающих свои строительные конструкции (например, пчел с их сотами и пауков с паутиной). В этом свете интеллектуальная деятельность человека напоминает и врожденную способность животных к моторным движениям с врожденной координацией множества мышечных единиц и т. д. К этому новому направлению биологических исследований и сравнительного анализа относятся, в частности, проблемы музыковедения. Можно полагать, что - с учетом сопряженности системы генетического кодирования с циклическими кодами Грея и булевой алгеброй логики - музыковедение получит стимул для углубленного исследования ритмических, циклических, гиперциклических и алгебрологических особенностей структурной организации музыкальных произведений, которые по Лейбницу представляют математику души, которая вычисляет, сама того не сознавая. И человечество будет

продвигаться ко времени, когда музыкальные процессы смогут выражать физико-математическими формулами, о чем пророчил Г. Гессе в книге «Игра в бисер», с обращения к которой начиналась данная статья.

7. ЗАКЛЮЧИТЕЛЬНЫЕ ЗАМЕЧАНИЯ.

Со времен философских работ М. Хайдеггера существует представление о том, что язык умнее нас. Богатый язык имеет обширную историю развития и эффективного применения в реальности. Используя тот или иной язык, мы косвенно используем весь опыт его формирования и применения к действительности. Раз язык умнее нас, то хороший язык может нас направлять, подсказывая новые решения и направления поиска. В своем исследовании кодированных циклических биопроцессов автор данной статьи использует для такого руководства хорошо разработанный и широко используемый научный язык теорий кодов Грея, карт Карно и взаимосвязанных с ними математических конструкций. Иными словами, автор переводит генетические структуры и циклические биофеномены на этот алгебрологический язык с получением в конечном итоге новых смыслов и закономерностей, к которым ведет этот язык. Недаром Ю. Вигнер писал о *«непостижимой эффективности математики в естественных науках»* [65].

В свою очередь Ч. Дарвин отмечал, что *«у людей, усвоивших великие принципы математики, одним органом чувств больше, чем у простых смертных»* (цитируется по [<https://nsportal.ru/user/108468/page/vyskazyvaniya-o-matematike>]).

Автор рассматривает факт организации каждого живого тела в виде огромного хора взаимно согласованных циклических процессов как ключевой момент для познания наследуемой физиологии с позиций математики. Анализ данного факта с учетом структурных особенностей системы генетического кодирования и ее сопряжения с циклическими кодами Грея позволяет выйти на целую связку возможностей эффективного и адекватного использования богатого языка алгебры, геометрии и алгебраической логики для раскрытия секретов живой материи. Часть из данных возможностей, сопряженная с теорией булевой алгебры, фрактальными кривыми Гильберта, полной ортогональной системой функций Уолша, секвентным анализом Хармута, логической голографией, спектральной логикой, математической статистикой и теорией вероятности (являющейся интерпретацией абстрактной нормированной булевой алгебры),

представлена в этой статье.

При этом, в частности, выдвинуто и обосновано положение о том, что молекулярная генетическая система несет на себе — помимо известного генетического кода аминокислотных последовательностей белков — также генетический код булевых функций для кодирования наследуемых логических согласований частей организма и логического поведения организма в целом.

Учет этого второго — алгебрологического — кода позволяет естественным образом объяснить целый ряд трудных проблем генетики, а также открывает путь к пониманию логического сопряжения множества наследуемых физиологических процессов.

В живом организме биомолекулы (прежде всего, нуклеиновые кислоты и белки) — это не просто кусочки вещества с определенной массой и размерами. Но это представители булевых алгебрологических функций в составе общей системы алгебрологических функций всего организма.

Эти логические функции можно связывать с вибрациями и циклическим функционированием биомолекул. Когда организм умирает, то биомолекулы прекращают участвовать в общем хоре циклических процессов организма и колебаться прежним образом, переставая быть представителями логических функций в мертвом теле, утраивающим логическое взаимодействие его частей.

Генетическую биомеханику следует понимать как во многом алгебрологическую биомеханику.

С точки зрения существования булева алгебрологического генетического кода каждый живой организм, являясь в целом интеллектуальной сущностью на основе алгебраической логики, представляет собой колонию генетически наследуемых частей, также являющихся интеллектуальными субстанциями.

На Рис. 4.3 была кратко показана структурная связь системы генетического кодирования с конформной моделью Пуанкаре геометрии Лобачевского.

Но конформно-геометрические (или мебиусовы) биосимметрии, являющиеся обобщениями классических биосимметрий подобия А.В.Шубникова, представлены, как известно, также в наследуемой морфологии живых тел.

Примеры этих конформно-геометрических симметрий, выявлению и анализу которых была посвящена докторская диссертация автора [66] и его публикации [18, 67], даны на Рис. 7.1.

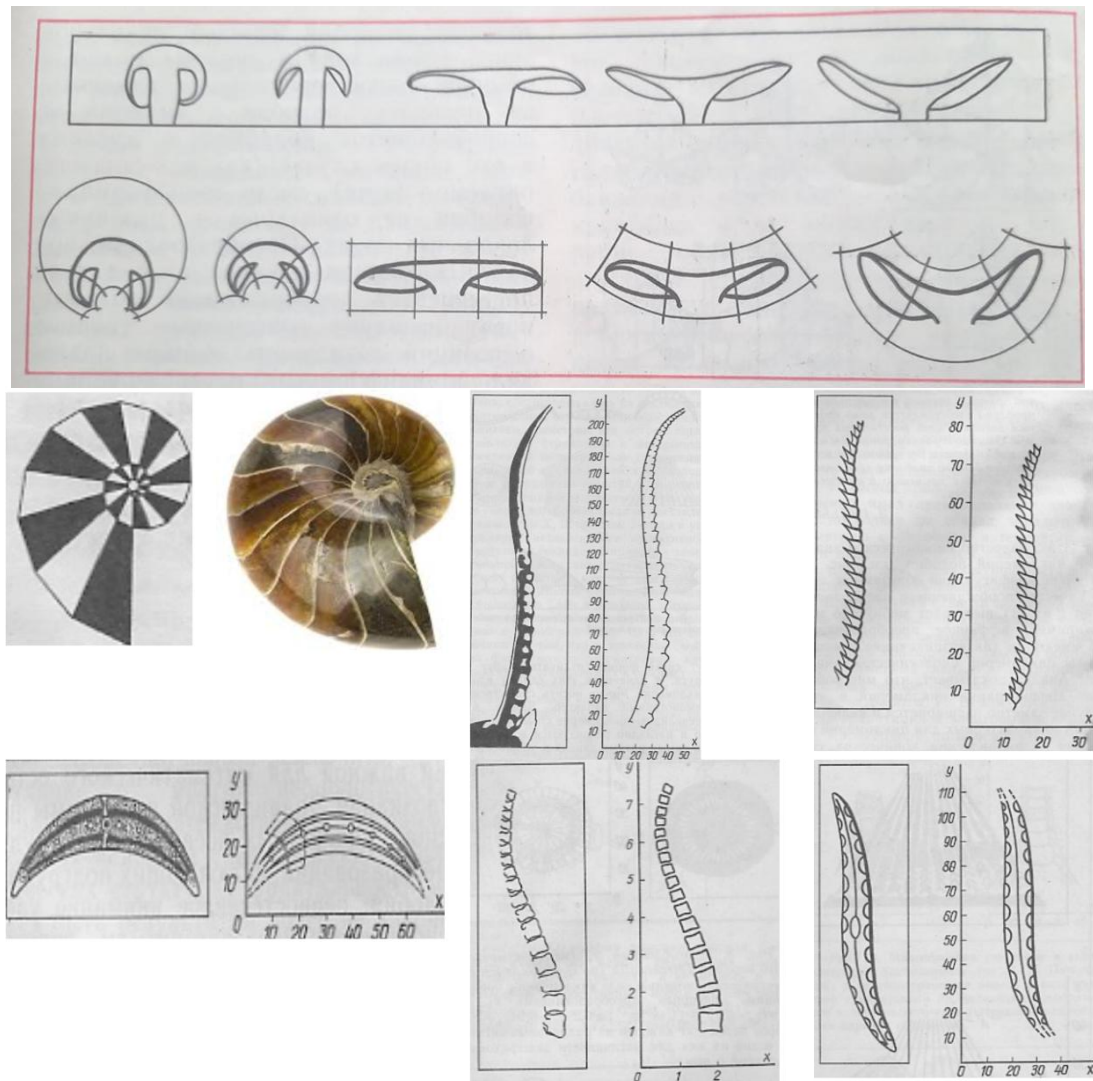


Рис. 7.1. Примеры конформно-геометрических (мебиусовых) биосимметрий в живых телах (из работ автора [18, 66, 67])

Fig. 7.1. Examples of conformal-geometric (Möbius) biosymmetries in living bodies (from the author's works [18, 66, 67])

С теми же конформно-геометрическими симметриями связано наше зрительное восприятие, сопровождаемое закономерным микротремором движения глаз с частотой порядка 150 Гц и амплитудой примерно в половину диаметра рецепторной колбочки (Рис. 7.2).

Исследования таких движений глаз ведутся во всем мире в связи с проблемами когнитивности мозга. Без этого микротремора распознавание формы и цвета предметов утрачивается [68]. Траектории движения глаз с микротремором успешно моделируются как орбиты тех же конформно-геометрических (мебиусовых) циклических преобразований [67].

Наше восприятие мира строится на распознавании булевой логики взаимодействий и взаимных изменений воспринимаемых образов. Другими

словами, мы судим об окружающем мире на основе врожденных механизмов анализа булевой логики воспринимаемой череды событий. Важность фактора таких изменений дополнительно подтверждается известной особенностью зрения лягушек, которые видят только движущиеся предметы [69]. Лягушка умрет от голода среди изобилия насекомых, если они не будут двигаться.

Это относится к важной теме булево-алгебраического сенсомоторного когнитивизма, которая находится в начале своего развития. Прогресс в этом направлении исследований связан с осмыслением важной роли стохастических (вероятностных) структур в генетической информатике и учетом того известного факта, что теория вероятностей является нормированной булевой алгеброй [3, 16, 70-71].

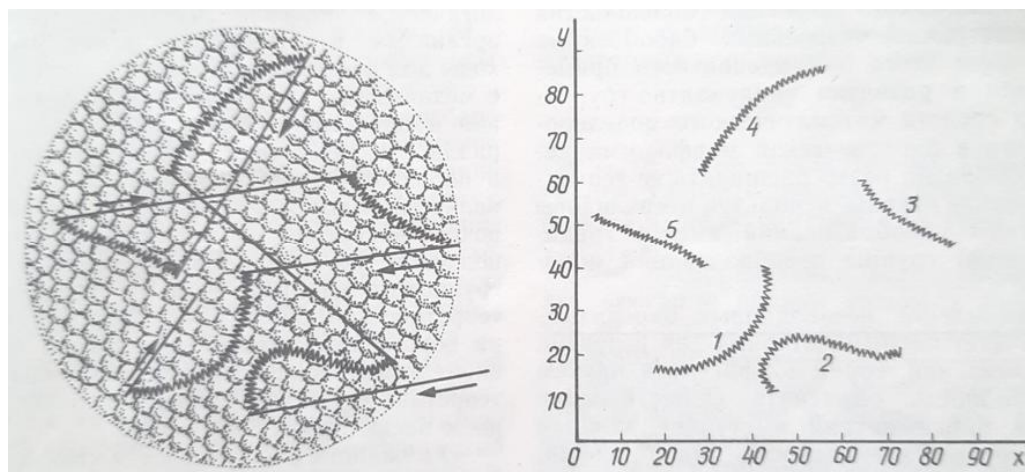


Рис. 7.2. Иллюстрация микротремора движения глаз из работ [67, 68]

Fig. 7.2. Illustration of eye movement microtremor (from [67, 68])

И. Кант писал о великой загадке существования морального закона в нас, отмечая, что человек живет во внешнем мире, имея при этом собственный внутренний мир.

С учетом всего вышеизложенного о связи системы генетического кодирования с булевой алгеброй логики можно полагать, что «моральный закон во мне» сопряжен с соответствующей генетической системой наследуемых булевых функций! А сосуществование этих двух миров базируется на их логическом взаимодействии: так, при опасности из внешнего мира мы предпринимаем целесообразные действия, например, бежим от опасности на основе врожденных логических взаимодействий миллионов нейронов и мышечных клеток с соответствующим изменением циклических процессов дыхания, сердцебиения и пр.

ПРИЛОЖЕНИЕ 1. О ЦИКЛИЧЕСКИХ КОДАХ ГРЕЯ

Дополним сведения о кодах Грея, представленные во введении статьи. Код Грея является циклическим кодом, поскольку циклические сдвиги каждого кодового слова дают другое слово, также принадлежащее ему [72-74]. Коды Грея находят применение во всех областях математики, где есть потребность в быстром переборе всех подмножеств [75]. Коды Грея для четырех и более бит не уникальны и допускают даже перестановку или инверсию битов. Наиболее типичным видом кода Грея, используемым в цифровых системах, является симметрично отраженный код Грея. Такое название связано со следующим алгоритмом построения иерархии таких отраженных n -битных кодов Грея. Пусть G_n — последовательность членов n -битного кода Грея, а последовательность G_n^R имеет порядок, обратный порядку последовательности G_n . Тогда последовательность G_{n+1} отраженного $(n+1)$ -битного кода Грея получается присвоением символа 0 слева каждому члену последовательности G_n и символа 1 слева каждому члену последовательности G_n^R с их объединением в конечном шаге. Например, для $n = 2$ имеем G_n : 00, 01, 11, 10; G_n^R : 10, 11, 01, 00. После указанного присвоения 0 слева членам G_n и 1 слева членам G_n^R получаем 3-битные последовательности 000, 001, 011, 010 и 110, 111, 101, 100. Переписав эти две последовательности друг за другом, получим отраженный 3-битный код Грея G_3 : 000, 001, 011, 010, 110, 111, 101, 100. Если не обращать внимание на первый бит в членах полученного 3-битного кода Грея, то его левая и правая половины зеркально симметричны друг другу. В Интернете есть онлайн-калькулятор отраженных n -битных кодов Грея до значения $n=16$ (<https://planetcalc.ru/8648/>). Любой n -битный код Грея соответствует гамильтонову циклу на n -мерном гиперкубе.

Коды Грея широко используются в инженерных технологиях: вращательных и оптических энкодерах, включая кодирование номеров дорожек на жестких компьютерных дисках; системах обнаружения ошибок; теории генетических алгоритмов; карты Карно связаны с булевыми функциями и логическими операциями, и пр. Кодам Грея и их применениям посвящено множество литературных источников и Интернет-сайтов.

В этой статье мы рассматриваем коды Грея в расширенном смысле как последовательности n -битных кодовых слов (или двоичных строк), в которых любые два соседних кодовых слова отличаются ровно на одну битовую позицию, включая такое же отличие между его последним и первым

кодowymi словами, которые интерпретируются как соседние кодовые слова (расстояние Хэмминга между ними равно 1). В этом подходе циклические последовательности в кодах Грея во многих случаях можно рассматривать как гиперциклы, содержащие внутри себя циклические субпоследовательности кодовых слов Грея (или обрезанные циклические коды Грея). Например, 3-битный код Грея 000, 001, 011, 010, 110, 111, 101, 100 содержит циклические субпоследовательности, каждую из которых можно рассматривать как циклический код Грея в широком смысле:

- любая пара соседних кодовых слов в этой циклической последовательности из 8 кодовых слов является отдельной циклической субпоследовательностью (например, 000, 001 или 010, 110);

- первая четверка кодовых слов (000, 001, 011, 010) представляет собой циклическую субпоследовательность с единичным расстоянием Хэмминга между соседними терминами. То же самое справедливо и для субпоследовательности последних четырех кодовых слов (110, 111, 101, 100);

- симметричное обрезание одинакового количества кодовых слов с обоих концов последовательности кодовых слов Грея порождает циклическую субпоследовательность (например, удалив по одному члену с обоих концов рассматриваемой последовательности, получим циклическую субпоследовательность 001, 011, 010, 110, 111, 101, и, удалив по 2 слагаемых с обоих концов, получим еще одну циклическую субпоследовательность 011, 010, 110, 111).

Каждая из этих субпоследовательностей, являясь циклическим кодом Грея в расширенном смысле, может служить основой для формирования кодов Грея повышенной битовой разрядности с использованием описанного выше алгоритма построения симметрично отраженного кода Грея. Например, с помощью этого алгоритма циклическая субпоследовательность 3-битных кодовых слов 000, 001 генерирует циклическую последовательность 4-битных кодовых слов 0000, 0001, 1001, 1000, которая создает по тому же алгоритму циклическую последовательность 5-битных кодовых слов. 00000, 00001, 01001, 01000, 11000, 11001, 10001, 10000 и так далее. Это свойство циклических кодов Грея, рассматриваемых в широком смысле, можно назвать свойством регенерации многобитовых семейств кодов Грея из обрезанных (фрагментированных) кодов Грея. Свойство регенерации семейств кодов Грея вызывает ассоциации с известными регенеративными и голографическими свойствами живых организмов, описанными, например, в

работах [63, 64]. Например, как известно, в эмбриологии, отделив бластомеры яиц морских ежей друг от друга, из одной эмбриональной клетки (бластомера) можно вырастить нормальные (хотя и редуцированные) личинки со всеми их органами. Подобные био-голографические явления распределенной информации неоднократно подтверждались биологами во многих таксономических группах многоклеточных организмов — от губок до млекопитающих.

Числа кодов Грея алгоритмически преобразуются в двоичные числа и наоборот (<https://miniwebtool.com/ru/gray-code-to-binary-converter/>).

Благодарности.

Автор благодарен К.В. Зенкину, А.А. Коблякову, С.Я. Котковскому, Ю.И. Манину, М.М. Пучкову, В. Розенфельду, В.И. Свиринову, И.С. Сошинскому, И.В. Степаняну, Г.К. Толоконникову, Е. Фиммель, В.И. Черноиванову, С.В. Шушарджану, М. Хи и З.Б. Ху за обсуждение результатов и сотрудничество.

ДОПОЛНИТЕЛЬНО

Информация об авторах:

Петухов Сергей Валентинович, д.ф.-м.н., лауреат Государственной премии СССР, руководитель лаборатории исследований биомеханических систем в Институте машиноведения им. А.А. Благонравова РАН. Автор 8 монографий и более 250 других научных трудов. Включен правительством Китая в «Список выдающихся ученых мира» с предоставлением финансирования для его лекций в Китае. E-mail: spetoukhov@gmail.com , website – <http://petoukhov.com/>. ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0001-7355-1813>.

Вклад авторов:

Автор подтверждает соответствие своего авторства, согласно международным критериям ICMJE.

Конфликт интересов:

Автор декларирует отсутствие других явных и потенциальных конфликтов интересов, связанных с публикацией настоящей статьи

Источник финансирования:

Данное исследование не было поддержано никакими внешними источниками финансирования.

Этические утверждения:

Не применимо.

Согласие на публикацию:

Не применимо.

ADDITIONAL

Information about the authors:

Petoukhov Sergey Valentinovich, Doctor of Physical-Mathematical Sciences, laureate of the USSR State Prize, head of the biomechanical systems laboratory at the Mechanical Engineering Research Institute of the Russian Academy of Sciences. The author of 8 monographs and more than 250 other scientific works. He is included by the China government in the "List of Outstanding Scientists of the World" with the provision of financing for his lectures in China. E-mail: spetoukhov@gmail.com , website — <http://petoukhov.com/>. ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0001-7355-1813>.

Author's contribution:

The author confirms his authorship according to the ICMJE criteria.

Source of funding:

This study was not supported by any external sources of funding.

Disclosure:

The author declares no apparent or potential conflicts of interest related to the publication of this article.

Ethics Approval:

Not applicable.

Consent for Publication:

Not applicable.

Список литературы / References

1. Дубров А.П. Музыка и растения. Москва, *Знание*, 1990, 63 с. [Dubrov A.P. Music and plants. Moscow, *Znanie*, 1990, 63 p.]. (in Russian).
2. McFadden J., Al-Khalili J. The origins of quantum biology. *Proceedings of the Royal Society A*, 2018, Vol. 474, Issue 2220, pp. 1-13. (<https://doi.org/10.1098/rspa.2018.0674>).
3. Яглом И.М. Булева структура и ее модели. Москва, *Советское Радио*, 1980. [Yaglom I.M. Boolean structure and its models. Moscow, *Soviet Radio*, 1980].
4. Kaczmarek L.K., Levitan I.B. Neuromodulation: The Biochemical Control of Neuronal Excitability. *Oxford University Press*, 1987.
5. Martini F.H. Anatomy and Physiology. New York, *Prentice Hall*, 2005.

6. Гурвич А.Г. Избранные труды. Москва, *Медицина*, 1977. [Gurvich A.G. Selected works. Moscow, *Medicine*, 1977]. (in Russian).
7. Neupane P., Bhuju S., Thapa N., Bhattarai H.K. ATP Synthase: Structure, Function and Inhibition. - *BioMol Concepts* 2019; 10, pp. 1–10, <https://doi.org/10.1515/bmc-2019-0001>.
8. Фритьоф Капра. Дао физики. Исследование параллелей между современной физикой и восточной философией. Издательство: *Манн, Иванов и Фербер*, 2017, ISBN 978-5-00100-814-9. [Fritjof Capra. The Tao of Physics: An Exploration of Parallels between Modern Physics and Eastern Philosophy. *Publisher: Mann, Ivanov and Ferber*, 2017, ISBN 978-5-00100-814-9].
9. Brown F.M. *Boolean Reasoning - The Logic of Boolean Equations (reissue of 2nd ed.)*. Mineola, New York, 2012: *Dover Publications Inc.*, ISBN 978-0-486-42785-0.
10. Dodge N.B. *Simplifying Logic Circuits with Karnaugh maps. – The University of Texas at Dallas, Erik Jonsson School of Engineering and Computer Science. September 2015.*
11. Франк-Каменецкий М.Д. Самая главная молекула. Москва, *Наука*, 1988. [Frank-Kamenetsky M.D. The Most Important Molecule. Moscow, *Nauka*, 1988]. (in Russian).
12. Boole G. An Investigation of the Laws of Thought on Which are Founded the Mathematical Theories of Logic and Probabilities. *Macmillan. Dover Publications*, New York, NY (reissued by Cambridge University Press, 2009, ISBN 978-1-108-00153-3).
13. Румер Ю.Б. Систематизация кодонов в генетическом коде. *Доклады АН СССР*, 183(1), pp. 225-226, 1968. [Rumer Yu.B. Systematization of codons in the genetic code. *Reports of the USSR Academy of Sciences*, 183(1), pp. 225-226, 1968]. (in Russian).
14. Петухов С.В. Матричная генетика, алгебры генетического кода, помехоустойчивость. Москва, *РХД*, 2008. [Petoukhov S.V. Matrix genetics, algebras of genetic code, noise immunity. Moscow, *RKhD*, 2008]. (in Russian).
15. Fimmel E., Strüngmann. Yury Borisovich Rumer and his ‘biological papers’ on the genetic code. *Phil. Trans. R. Soc. A*, 374, 2016. <http://dx.doi.org/10.1098/rsta.2015.0228>.
16. Petoukhov S.V. Cyclic Gray Codes in Modeling Inherited Cyclic Biostructures and Analysis of Statistical Rules of Genomic DNAs. – *Preprints 2024*, 2024020713, from 13 February 2024, 40 pages,

<https://doi.org/10.20944/preprints202402.0713.v1>.

17. Karzel H., Kist G. Kinematic Algebras and their Geometries. In: *Rings and Geometry*, eds. R. Kaya, P. Plaumann, and K. Strambach, pp. 437–509, 1985
18. Petoukhov S.V. Non-Euclidean geometries and algorithms of living bodies. *Computers & Mathematics with Applications*, v.17, № 4-6, pp. 505-534, 1989.
19. Luneburg R. The metric of binocular visual space. *J. Opt. Soc. Am.* 1950, 40, 627–642.
20. Kienle G. Experiments concerning the non-Euclidean structure of visual space. In *Bioastronautics*; Pergamon Press: New York, NY, USA, 1964; pp. 386–400.
21. Смолянинов В.В. Пространственно-временные задачи локомоторного управления. - *Успехи физических наук*, 2000, том 170, № 10, стр. 1063-1128. [Smolyaninov V.V. Spatio-temporal problems of locomotor control. *Uspekhi Fizicheskikh Nauk*, 2000, Vol. 170, No. 10, pp. 1063-1128.]. (in Russian).
22. Боднар О.Я. Геометрия филлотаксиса. *Доклады Академии Наук Украины*, 1992, № 9, с. 9-15. [Bodnar O.Ya. Geometry of phyllotaxis. *Reports of the Academy of Sciences of Ukraine*, 1992, No. 9, pp. 9-15]. (in Russian).
23. Боднар О.Я. Золотое сечение и неевклидова геометрия в природе и искусстве. Львов, *Свет*, 1994. [Bodnar O.Ya. Golden Section and Non-Euclidean Geometry in Nature and Art. Lvov, *Svet Publishing House*, 1994.]. (in Russian).
24. Zhou Y., Smith B.H, Sharpee T.O. Hyperbolic geometry of the olfactory space. – *Sci Adv.*, 4(8): eaaq1458 (2018, Aug 29). DOI: 10.1126/sciadv.aaq1458. PMID: 30167457; PMCID: PMC6114987.
25. Petoukhov S.V. Modeling inherited physiological structures based on hyperbolic numbers. – *Biosystems*, vol. 199, 2021, 104285, ISSN 0303-2647, <https://doi.org/10.1016/j.biosystems.2020.104285>.
26. Шульц Е. Организм как творчество. - В кн.: *Вопросы теории и психологии творчества*, 1916, т.7, Харьков, с.108-190. [Schulz E. The organism as creativity. - In the book: *Questions of the theory and psychology of creativity*, 1916, v.7, Kharkov, pp.108-190.]. (in Russian).
27. Nickel M., Kiela D. Poincare embeddings for learning hierarchical representations. - In *Advances in neural information processing systems*, 2017, pp. 6338–6347.
28. Peng W., Shi J, Xia Z., Zhao G. Mix dimension in poincare' geometry for 3d skeleton-based action recognition. – In: *Proceedings of the 28th ACM International Conference on Multimedia*, 2020, pp. 1432–1440.

29. Tifrea A., Becigneul G., Ganea O.-E. Hyperbolic word embeddings. - *International Conference on Learning Representations (ICLR)*, 2019.
30. Petoukhov S. Nucleotide Epi-Chains and New Nucleotide Probability Rules in Long DNA Sequences. *Preprints 2019*, 2019040011, 41 pages, 2019 (doi: 10.20944/preprints201904.0011.v2).
31. Мамфорд Д., Райт Д., Сирис К. Ожерелье Индры. Видение Феликса Клейна. Москва, Изд-во «Московский центр непрерывного математического образования (МЦНМО)», 2011, 416 с. [Mumford D., Wright D., Siris K. Indra's Necklace. The Vision of Felix Klein. Moscow, *Publishing House «Moscow Center for Continuous Mathematical Education (MCCME)»*, 2011, 416 p.]. (in Russian).
32. Lieberman-Aiden E., van Berkum N.L., Williams L., et al. Comprehensive mapping of longrange interactions reveals folding principles of the human genome. *Science*, 326, 289, 2009.
33. Хармут Х. Применение методов теории информации в физике. Москва, *Мир*, 1989. [Harmuth H. Application of methods of information theory in physics. Moscow, *World*, 1989]. (in Russian).
34. Хармут Х. Передача информации ортогональными функциями. Москва, *Связь*, 1975. [Harmuth H. Information transmission by orthogonal functions. Moscow, *Svyaz*, 1975]. (in Russian).
35. Хармут Х. Несинусоидальные волны в радиолокации и радиосвязи. – Москва, *Радио и связь*, 1985. [Harmuth H. Non-sinusoidal waves in radar and radio communications. – Moscow, *Radio and Communications*, 1985]. (in Russian).
36. Сороко Л.М. Рецензия на книгу Хармута Х. «Transmission of Information by Orthogonal Functions». – *Успехи физических наук*, 1973, т.111, вып. 3, с. 80. [Soroko L.M. Review of the book by Harmuth H. «Transmission of Information by Orthogonal Functions». – *Uspekhi Fizicheskikh Nauk*, 1973, v.111, issue 3, p.80]. (in Russian).
37. Сороко Л.М. Секвентный анализ в технике и физике. – *Успехи физических наук*, 1979, 129(10), с. 353. [Soroko L.M. Sequency analysis in engineering and physics. – *Uspekhi fizicheskikh nauk*, 1979, 129(10), p. 353]. (in Russian).
38. Petoukhov S.V., He M. Algebraic Biology, Matrix Genetics, and Genetic Intelligence. – Singapore, *World Scientific*, 2023, <https://doi.org/10.1142/13468> .
39. Morita Y., Sakurai Y. Holography by Walsh Waves. - *Proceedings of the IV Symposium «Application of Walsh functions» Held at the Catholic University of America*, Washington, D. C. on 16-18 April, 1973, pp. 122-126.

40. Petoukhov S.V. The Genetic Code, 8-Dimensional Hypercomplex Numbers and Dyadic Shifts. 11th Version of the Article. //Available online: <http://arxiv.org/abs/1102.3596>, 2016.
41. Petoukhov S.V. Symmetries of the genetic code, Walsh functions and the theory of genetic logical holography. - *Symmetry Cult. Sci.* 2016, 27, 95–98.
42. Petoukhov S.V., Petukhova E.S. «I-Ching», the doctrine of geno-logic code and genetic music». – *Acupuncture and Natural Medicine*, № 3, vol. 4, 2016, p. 22-34.
43. Petoukhov S.V., Petukhova E.S. Resonances, Walsh functions and logical holography in genetics and musicology. – *Symmetry: Culture and Science*, 2017, v.28, №1, p. 21-40 (the lecture on the «Symmetry Festival-216», 18-23 July 2016, Vienna, Austria, festival.symmetry.hu).
44. Petoukhov S.V., Petukhova E.S. Symmetries in genetic systems and the concept of geno-logical coding. – *Information*, 2017, 8(1), 2; doi:10.3390/info8010002, <http://www.mdpi.com/2078-2489/8/1/2/htm>, <http://www.mdpi.com/2078-2489/8/1/2/pdf>.
45. Логачёв О. А., Сальников А. Л., Ященко В. В. Булевы функции в теории кодирования и криптологии. – Москва, *Московский центр непрерывного математического образования (МЦНМО)*, 2004. [Logachev O. A., Salnikov A. L., Yashchenko V. V. Boolean functions in coding theory and cryptology. Moscow, Publishing House «*Moscow Center for Continuous Mathematical Education (MCCME)*», 2004]. (in Russian).
46. Либерман Е.А. Клетка как молекулярный компьютер. *Биофизика*, 17, с. 932-943, 1972. [Lieberman E.A. The cell as a molecular computer. *Biophysics*, 17, pp. 932-943, 1972,]. (in Russian).
47. Hameroff S., Penrose R. Consciousness in the universe: A review of the «Orch OR» theory. *Phys. Life Rev.*, 2014, 11, 39–78.
48. Igamberdiev A.U., Shklovskiy-Kordi N.E. Computational power and generative capacity of genetic systems. *Biosystems*, 2016, 142–143, 1–8.
49. Ji S. *Molecular Theory of the Living Cell: Concepts, Molecular Mechanisms, and Biomedical Applications*; Springer: New York, NY, USA, 2012.
50. Petoukhov S.V. The system-resonance approach in modeling genetic structures. - *Biosystems*, 139, 1–11, 2016a.
51. McClintock B. The origin and behavior of mutable loci in maize. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 36, 344–355, 1950.
52. Karpovsky M.G., Stankovic R.S., Astola J.T. *Spectral Logic and Its Applications for the Design of Digital Devices*. John Wiley & Sons, Inc.: Hoboken,

NJ, USA, 2008.

53. Stankovic R., Astola J. Spectral Interpretation of Decision Diagrams. New York, *Springer*, 2003.

54. Zalmanzon L.A. Transforms of Fourier, Walsh, Haar and Their Application in Management, Communications and Other Fields. Moscow, *Nauka, PhysMatLit*, 1989.

55. Ахмед Н., Рао К.Р. Ортогональные преобразования при обработке цифровых сигналов. Москва, *Связь*, 1980. [Ahmed N., Rao K.R. Orthogonal transformations in digital signal processing. Moscow, *Svyaz*, 1980]. (in Russian).

56. Petoukhov S.V. The Genetic Code, 8-Dimensional Hypercomplex Numbers and Dyadic Shifts. 11th Version of the Article. // Available online: <http://arxiv.org/abs/1102.3596>, 2016.

57. Шушарджан С.В., Еремина Н.И., Шушарджан Р.С. Перспективы применения инновационных технологий научной музыкотерапии в реабилитации пациентов, перенесших Covid-19. В сборнике: АРБАТСКИЕ ЧТЕНИЯ. Сборник научных трудов. Москва, 2021. С. 83-91. [Shushardzhan S.V., Eremina N.I., Shushardzhan R.S. Prospects for the application of innovative technologies of scientific music therapy in the rehabilitation of patients after Covid-19. In the collection: ARBAT READINGS. Collection of scientific papers. Moscow, 2021. pp. 83-91.]. (In Russian).

58. Шушарджан С.В. Генетически аффилированная музыка и живая клетка. – *Видеоролик*, 2023, <https://youtu.be/s-h2dUZkhgQ?si=z-57-LWWFVxVlew1>. [Shushardzhan S.V. Genetically affiliated music and a living cell. - *Video*, 2023, <https://youtu.be/LHfKsz9zNBU?si=EiFbFnWWhtQYSxXw>]. (in Russian and English).

59. Рид Д.С. Терапевтическая сила вокального звука, или каким образом вокальный звук может положительно влиять на клетки вашего тела и клетки тех, кто находится рядом с вами. *Медицина и искусство*, 2024, т.2, №2, с. 43-68, <https://doi.org/10.60042/2949-2165-2024-2-2-43-68>_. [Reid J.S. The therapeutic power of vocal sound or how vocal sound can positively influence the cells of your body and the cells of those around you. *Medicine and Art*, 2024, v.2, no.2, pp.43-68]. (in Russian).

60. Тарасенко В.В. Фрактальная логика. Предисловие С.П. Капица. Изд. 5. Москва, *URSS*, 2018, 200 с. ISBN 978-5-9710-5541-9. [Tarasenko V.V. Fractal logic. Preface by S.P. Kapitsa. Ed. 5. Moscow, *URSS*, 2018, 200 pp. ISBN 978-5-9710-5541-9]. (in Russian).

61. Шредингер Э. Что такое жизнь? С точки зрения физики. Москва, 1972. [Schrödinger E. What is Life? From the Point of View of Physics. Moscow, 1972]. (in Russian).
62. Варфоломеев С.Д. Химическая энзимология. Москва, Академия, 2005. [Varfolomeev S.D. Chemical enzymology. Moscow, Academy, 2005.]. (in Russian).
63. Belousov L.V. Morphomechanics of Development. - NEW YORK, USA, Springer International Publishing Switzerland, 2015.
64. Pribram K. The holographic brain. // 1998, (<https://web.archive.org/web/20060518075852/http://homepages.ihug.co.nz/~sai/pribram.htm>)
65. Wigner E.P. The unreasonable effectiveness of mathematics in the natural sciences. -Richard Courant lecture in mathematical sciences delivered at New York University, May 11, 1959. - *Communications on Pure and Applied Mathematics*. 13: 1—14, 1960.
66. Петухов С.В. Высшие симметрии в биомеханике формообразования. – Диссертация доктора физ.-мат. наук по специальностям «биомеханика» и «кристаллография и кристаллофизика», *Институт кристаллографии РАН*, Москва, 1987 [Petoukhov S.V. Higher symmetries in the biomechanics of morphogenesis. – Dissertation of Doctor of Physical and Mathematical Sciences in the specialties of «Biomechanics» and «Crystallography and Crystal Physics», *Institute of Crystallography of the Russian Academy of Sciences*, Moscow, 1987]. (in Russian).
67. Петухов С.В. Геометрии живой природы и алгоритмы самоорганизации. Москва, *Знание*, 1988, 48 стр. [Petukhov S.V. Geometries of living nature and algorithms of self-organization. – Moscow, *Znanie*, 1988, 48 pp.]. (in Russian).
68. Притчард Р. Стабилизированные изображения на сетчатке. - Восприятие. Механизмы и модели. Москва, *Мир*, 1974. С. 194-203. [Pritchard R. Stabilized images on the retina. - Perception. Mechanisms and models. Moscow, *Mir*, 1974. P. 194-203]. (in Russian).
69. Maturana H.R., et al. Anatomy and physiology of vision in the frog (*Rana pipiens*). - *The Journal of General Physiology*, Rockefeller University Press, 1960, No. 43, p. 129.
70. Петухов С.В. Связь генетического кодирования с циклическими кодами Грея. Проблема наследования биоциклов. – Биоинформатика регуляции и структуры геномов / системная биология. Четырнадцатая международная мультиконференция. Тезисы докладов. (Россия, Новосибирск, 5–10 авг.

2024 г.) / Ин-т цитологии и генетики СО РАН; Новосиб. нац. исслед. гос. ун-т. – Новосибирск: ИЦиГ СО РАН, 2024. – Стр. 2051-2054. – DOI 10.18699/bgrs2024-12.1-03. [Petukhov S.V. Relationship of genetic coding with cyclic Gray codes. The problem of inheritance of biocycles. – Bioinformatics of regulation and structure of genomes / systems biology. - Fourteenth international multi-conference. Abstracts of reports. (Russia, Novosibirsk, August 5–10, 2024) / Institute of Cytology and Genetics SB RAS; Novosibirsk National Research State University. – Novosibirsk: ICG SB RAS, 2024. – Pp. 2051–2054]. (in Russian). – DOI 10.18699/bgrs2024-12.1-03.

71. Петухов С.В. Бинарно-геномные числа и симметрии универсальных правил статистической организации геномных ДНК. – Биоинформатика регуляции и структуры геномов / системная биология. - Четырнадцатая международная мультikonференция. Тезисы докладов. (Россия, Новосибирск, 5–10 авг. 2024 г.) / Ин-т цитологии и генетики СО РАН; Новосиб. нац. исслед. гос. ун-т. – Новосибирск: ИЦиГ СО РАН, 2024. – Стр. 2160-2162. DOI 10.18699/bgrs2024-12.3-09. [Petukhov S.V. Binary-genomic numbers and symmetries of universal rules of statistical organization of genomic DNA. – Bioinformatics of regulation and structure of genomes / systems biology. - Fourteenth international multiconference. Abstracts of reports. (Russia, Novosibirsk, August 5–10, 2024) / Institute of Cytology and Genetics SB RAS; Novosibirsk National Research State University. – Novosibirsk: ICG SB RAS, 2024. – Pp. 2160–2162]. (in Russian). DOI 10.18699/bgrs2024-12.3-09.

72. Белецкий А.Я. Комбинаторика кодов Грея. Киев, *КВИЦ*, 2003, 506 с. [Beletsky A.Ya. Combinatorics of Gray codes. Kyiv, *KVIC*, 2003, 506 p.]. (in Russian).

73. Белецкий А.Я., Белецкий А.А., Белецкий Е.А. Преобразования Грея. - В двух томах. Т. 1. Основы теории. Киев, *издательство НАУ*, 2007. – 412 с., Т. 2. Прикладные аспекты. Киев, *издательство НАУ*, 2007. 644 с. [Beletsky A.Ya., Beletsky A.A., Beletsky E.A. Gray transformations. - In two volumes. Vol. 1. Fundamentals of the theory. Kyiv, *NAU Publishing House*, 2007. - 412 p., Vol. 2. Applied aspects. Kyiv, *NAU Publishing House*, 2007. 644 p.]. (in Russian).

74. Белецкий А.В. Обобщенные коды Грея. 2014 год. 208 стр. ISBN: 9783639683899. [Beletsky A.V. Generalized Gray codes. 2014. 208 p. ISBN: 9783639683899]. (in Russian).

75. Пережогин А. Л., Быков И. С. Обзор конструкций и свойств кодов Грея. Математические вопросы кибернетики. Вып. 20. - Москва, *Физматлит*,

2022, с. 41–60. URL: <http://library.keldysh.ru/mvk.asp?id=2022-41>
DOI:10.20948/mvk-2022-41. [Perezhogin A. L., Bykov I. S. Review of constructions and properties of Gray codes. *Mathematical issues of cybernetics*. Issue 20. - Moscow, *Fizmatlit*, 2022, pp. 41–60. URL: <http://library.keldysh.ru/mvk.asp?id=2022-41>].(in Russian). DOI:10.20948/ mvk-2022-41