

Гиперболические правила ДНК-текстов в геномах. Алгебраическая гармония живого

Сергей В. Петухов, Владимир В. Веревкин,
Елена С. Петухова, Виталий И. Свирин
Институт машиноведения РАН,
лаборатория биомеханических систем
Москва, Россия, spetoukhov@gmail.com

Представлены неизвестные ранее универсальные гиперболические правила структурной организации ДНК-текстов в геномах высших и низших организмов. Эти правила сопряжены с алгебраической прогрессией $1/n$ и гиперболическими поворотами. Речь идет об алгебраической гармонии в информатике всего живого, которая, возможно, отражает универсальную связь живого со структурами физического вакуума и ведет к новым биотехнологиям.

Основоположники квантовой механики П.Йордан и Э.Шредингер писали о ключевом отличии живых организмов от неодушевленных объектов: неодушевленные объекты управляются средним случайным движением их миллионов частиц, движение отдельной частицы не существенно для целого; напротив, в живом организме избранные – генетические - молекулы обладают диктаторским влиянием на весь организм, которое обеспечивается квантовыми механизмами амплификации (см. историю квантовой биологии [1]). При этом Йордан утверждал, что упускаемые наукой законы живого являются правилами вероятностей из квантового мира. В этой связи нами проведено исследование вероятностей (частот) встречаемости специальных групп элементов в длинных последовательностях ДНК нуклеотидов в геномах эукариот и прокариот.

Во всех живых организмах генетическая информация записывается в молекулах наследственности ДНК и РНК в виде длинных текстов из четырех нуклеотидов (“букв” ДНК-алфавита): аденина А, гуанина G, цитозина С и тимина Т. Нами исследовались геномные ДНК-тексты из многих миллионов нуклеотидов. Это исследование осуществлялось методом олигомерных сумм [2, 3], состоящим в следующем. Любой ДНК-текст может быть представлен как текст из отдельных букв (напр.: А-С-А-Т-G-Т-...), или как текст

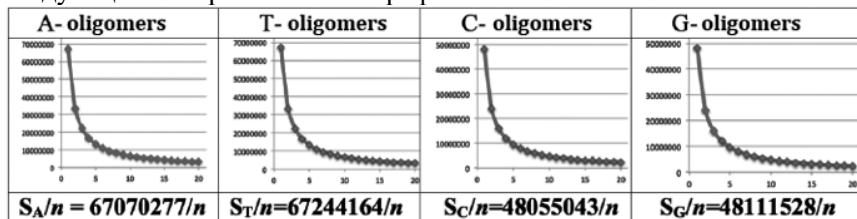
из дуплетов (АС-АТ-ГТ-ГГ-...), или как текст из триплетов (АСА-ТГТ-ГГА-...), и т.д. По названному методу в каждом из таких фрагментированных представлений ДНК-текста подсчитывается общее количество n -плетов (олигомеров или фрагментов длины n) в четырех классах эквивалентности олигомеров: классы А-, Т-, С- и G-олигомеров. Каждый из этих классов содержит все олигомеры, которые начинаются с соответствующего нуклеотида. Например, класс А-олигомеров содержит следующие подмножества n -плетов: 4 дуплета АА, АТ, АС, АГ; 16 триплетов ААА, ААТ, ААС, ...; и т.д.

Обратимся к примеру ДНК-текста первой хромосомы человека, содержащим около 230 миллионов нуклеотидов. Подсчет в его классе А-олигомеров количеств $S_A(n)$ n -плетов при разных значениях $n = 1, 2, \dots, 20$ дает следующие 20 количеств $S_A(n)$:

n	1	2	3	4	...	20
$S_A(n)$	67070277	33537501	22360413	16768845	...	3354107

Полученные 20 количеств совпадают с гиперболической последовательностью $S_A(1)/n = 67070277/n$ с высокой точностью: $-0.030\% \div 0.024\%$. Зная количество нуклеотидов А в исследуемом ДНК-тексте, можно предсказать с высокой точностью количества 19 других множеств его n -плетов в классе А-олигомеров.

Аналогичные результаты при $n = 1, 2, \dots, 20$ дает подсчет количеств n -плетов в классах Т-, С- и G-олигомеров той же хромосомы, для каждого из которых полученные 20 количеств совпадают с высокой точностью с соответствующими гиперболическими последовательностями $S_T(1)/n$, $S_C(1)/n$, $S_G(1)/n$, в числителях которых стоят количества нуклеотидов Т, С и G. В декартовых координатах, по оси «х» которых отложены величины n , а по оси «у» количества $S_T(1)/n$, $S_C(1)/n$ и $S_G(1)/n$, возникают следующие гиперболические графики:



Переходы между точками гиперболы описываются гиперболическими поворотами, известными, например, в СТО (преобразования Лоренца).

Аналогичные гиперболические последовательности дали наши исследования ДНК-текстов методом олигомерных сумм: 1) всех остальных 23 хромосом человека; 2) всех хромосом других проанализированных эукариот, включая дрозофилу, мышшь, нематоду, некоторые растения; 3) геномов всех 19 прокариот (бактерий и архей) из стандартного списка; 4) геномов экстремофилов, живущих в условиях мощной радиации и пр. До сих пор не найдено ни одного генома, в котором эти гиперболические взаимосвязи между названными множествами олигомеров нарушались бы заметным образом.

Анализируя разреженные геномные ДНК-тексты, в которых из исходного текста оставлен только каждый k -й нуклеотид (при $k = 2, 3, \dots, 100$), получаем, что эти новые тексты (эпи-цепи ДНК) наделены аналогичной гиперболической взаимосвязью олигомерных сумм. Это говорит о фрактало-подобном устройстве геномных ДНК-текстов. В целом, излагаемые правила гиперболической взаимосвязи олигомерных сумм в каждом из классов А-, Т-, С- и G-олигомеров претендуют на роль универсальных генетических правил. При этом метод олигомерных сумм оказывается полезен для анализа не только полных геномных ДНК: он дает содержательные результаты также при анализе генов и аминокислотных последовательностей длинных белков [2, 3].

Описываемые гиперболические зависимости $S_A(1)/n$, $S_T(1)/n$, $S_C(1)/n$ и $S_G(1)/n$ в разных хромосомах и геномах отличаются, главным образом, только величиной числителей. Нормирование этих зависимостей делением на величину числителя сводит их все к знаменитой гармонической прогрессии (1):

$$1/n: 1/1, 1/2, 1/3, 1/4, 1/5, \dots, 1/n \quad (1)$$

Название “гармоническая прогрессия” произошло из-за совпадения этой последовательности с рядом гармоник в музыке (или длинами стоячих волн в вибрирующей струне). Каждый ее член является средним гармоническим его соседних членов. Суммы ее первых членов называются гармоническими числами, ряд которых является дискретным аналогом непрерывной функции натурального

логарифма и позволяет моделировать основной психофизический закон Вебера-Фехнера, который является логарифмическим и описывает информационные особенности всех наследуемых сенсорных каналов – зрения, слуха, обоняния и пр. Обобщение ряда гармонических чисел известно как дзета функция Римана. Двойное отношение четырех точек прямой, являющееся основным инвариантом проективной геометрии, равно $4/3$ для любых соседних четырех членов гармонической прогрессии (это дает выход на богатую тему неевклидовых биосимметрий в наследуемых физиологических структурах).

Гармоническую прогрессию (1) изучали Пифагор, Орем, Лейбниц, Ньютон, Эйлер, Фурье, Дирихле, Риман в связи с физическими и математическими задачами. Ныне гармоническая прогрессия (1) неожиданно проявила себя во всех проанализированных нами геномах высших и низших организмов, то есть в информационных основах живой материи. Геномы всех организмов предстают закономерной алгебраической фракталоподобной сетью с важным участием гармонической прогрессии во взаимосвязи ее частей на разных уровнях. Это свидетельствует об алгебраической гармонии живой материи.

Универсальные гиперболические правила олигомерной кооперативной организации геномов говорят о существовании глобально-геномных алгебраических инвариантов (симметрий) биологической эволюции, в течении миллионов лет которой отмирают и возникают миллионы биологических видов (при том, что локально геномные тексты изменяются под действием мутаций, пресса естественного отбора и пр.). Представляется, что все организмы объединены единством не только видов молекулярных элементов ДНК и РНК, но и описываемых алгебро-гармонических взаимосвязей. Одной из возможных причин этих взаимосвязей является общее влияние физического вакуума.

Изложенные гиперболические зависимости были найдены на основе квантово-информационной модели длинных ДНК-текстов [4, 5]. В данной модели используются бинарно-оппозиционные характеристики 4 нуклеотидов ДНК, что позволило представить 4 нуклеотида в виде 4 вычислительных базисных состояний 2-кубитной квантовой системы мономерных ДНК-текстов с расширением такого квантового подхода на рассмотрение ДНК-текстов как множества фрагментированных текстов из n -плетов при разных n . Эта модель и

полученные данные развивают алгебраическую и квантовую биологию.

Литература

1. McFadden J., Al-Khalili J. The origins of quantum biology // *Proceedings of the Royal Society A: Mathematical, Physical and Engineering Sciences* (12 December 2018), 1-13,

<https://doi.org/10.1098/rspa.2018.0674> .

2. Petoukhov S. Hyperbolic Rules of the Oligomer Cooperative Organization of Eukaryotic and Prokaryotic Genomes. *Preprints* 2020, 2020050471 (2020),

<https://www.preprints.org/manuscript/202005.0471/v2> .

3. Petoukhov S.V. Genomes symmetries and algebraic harmony in living bodies // *Symmetry: Culture and Science*, Vol. 31, No. 2, 222-223 (2020).

4. Petoukhov S.V. The rules of long DNA-sequences and tetra-groups of oligonucleotides // [arXiv:1709.04943v6](https://arxiv.org/abs/1709.04943v6) (22 May 2020).

5. Petoukhov S., Petukhova E., Svirin V. Symmetries of DNA alphabets and quantum informational formalisms // *Symmetry: Culture and Science*, Vol.30, No.2, 161-179, 2019,

https://doi.org/10.26830/symmetry_2019_2_161.