

***Доктрина энергоинформационной эволюции на основе
био-антенных решеток и алгебраическая биология***

***Doctrine of energy-informational evolution based on bio-antenna arrays and
algebraic biology***

基於生物天線陣列和代數生物學的能量資訊演化學說

Петухов С.В.

д.ф.-м.н., Институт машиноведения им. А.А. Благонравова РАН,
Doctor of Physical and Mathematical Sciences, Institute of Mechanical Engineering named
after. A.A. Blagonravov RAS,

機械科學研究所物理和數學科學博士 А.А. 布拉貢拉沃夫 RAS
<http://petoukhov.com/>, spetoukhov@gmail.com

Аннотация. Статья посвящена развитию алгебраической биологии в связи с универсальными правилами стохастической организации информационных последовательностей геномных ДНК высших и низших организмов. Анализ этих особенностей важен для понимания наследуемой способности живых систем к помехоустойчивому развитию с ростом числа их параметров и воспроизведением родительских признаков. Результаты анализа позволили выдвинуть доктрину энергоинформационной эволюции на основе био-антенных решеток, а также предложить подходы для моделирования биологического дуализма «стохастика-детерминизм» и ряда других биофеноменов с позиций формализмов квантовой информатики. Изложенные феноменологические данные и инструменты матрично-тензорного анализа, связанные, в том числе, с гиперболической геометрией Лобачевского и многомерными гиперболическими числами, полезны для развития систем искусственного интеллекта геноморфного типа и алгебраической биологии.

Ключевые слова: геномные ДНК, алгебраическая биология, антенные решетки, стохастика, детерминизм, искусственный интеллект, квантовая информатика.

Abstract. The article is devoted to the development of algebraic biology in connection with the universal rules of stochastic organization of information sequences of genomic DNAs of higher and lower organisms. Analysis of these DNAs features is important for understanding the heritable ability of living systems to possess noise-immunity under conditions of an increasing the number of their parameters and the reproduction of parental characteristics. The results of the analysis made it possible to put forward the doctrine of energy-informational evolution based on bio-antenna arrays, as well as to propose approaches for modeling the biological dualism “stochastics-determinism” and a number of other bio-phenomena from the standpoint of formalisms of quantum information science. The presented phenomenological data and tools of matrix-tensor analysis, associated, among other things, with Lobachevsky’s hyperbolic geometry and multidimensional hyperbolic numbers, are useful for the development of artificial intelligence systems of the genomorphic type and algebraic biology.

Keywords: genomic DNA, algebraic biology, antenna arrays, stochastics, determinism, artificial intelligence, quantum information science.

註解。 本文致力於與高等和低等生物體基因組 DNA 訊息序列隨機組織的普遍規則相關的代數生物學的發展。對這些特徵的分析對於理解生命系統隨著參數數量的增加和親代特徵的繁殖而發展出抗噪聲能力的遺傳能力非常重要。分析結果使得提出基於生物天線陣列的能量資訊演化學說成為可能，並從該角度提出生物二元論「隨機決定論」和許多其他生物現象的建模方法量子資訊科學的形式主義。所提出的現象學資料和矩陣張量分析工具，除其他外，與羅巴切夫斯基的雙曲幾何和多維雙曲數相關，對於基因型類型和代數生物學的人工智慧系統的開發很有用。

關鍵字： 基因組 DNA、代數生物學、天線陣列、隨機學、決定論、人工智慧、量子資訊科學。

1. Введение

Живые организмы наделены врожденными интеллектуальными способностями для поиска пищи, спасения от хищников, спаривания, строительства (паутина пауков, соты пчел, сложные гнезда птиц-ткачей и пр.). Особенный интерес вызывает генетический интеллект, под которым мы понимаем ту часть интеллектуальных потенций живых организмов, которая позволяет на основе генетической информации в молекулах ДНК и РНК выстроить, например, из одной оплодотворенной клетки организм с триллионами клеток. При этом в так выстроенном организме многоканальным помехоустойчивым образом воспроизводятся родительские признаки, несмотря на сильные шумы и постоянно меняющиеся по ходу жизни условия питания и внешних воздействий. Поражают функциональные характеристики генетической системы. Например, скорость репликации (считывания «текста») нити ДНК у бактерии *Esherichia coli* составляет свыше 1000 нуклеотидов в секунду [Bank, 2022] (именно удивление скоростями «генетических автоматов» привело выдающегося математика Ю.И.Манина к пионерской идее квантовых компьютеров [Манин, 1980]). Ферменты в живых телах работают в миллионы раз эффективнее, чем лучшие катализаторы в лабораториях: то, что делает фермент в живом теле за 1 секунду, катализатор в лаборатории может сделать только за 100 тысяч лет. При создании систем искусственного интеллекта следует **подсматривать у живой природы алгоритмы и универсальные структуры генетического наследования.** Статья посвящена некоторым результатам такого подсматривания через призму алгебры.

В исследованиях живого следует помнить о **ключевом отличии живых тел от неодушевленных**, на которое указывали создатели квантовой механики П.Йордан и Э.Шредингер: 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» [McFadden, Al-Khalili, 2018]). В соответствие с этим для раскрытия секретов и патентов живой природы необходимо изучение закономерностей информатики ДНК. Целью

статьи является представление авторских результатов такого исследования.

Генетика как наука началась с открытия Менделем правил стохастического (вероятностного) наследования признаков в экспериментах по скрещиванию организмов. Многие процессы в живых телах являются стохастическими. Даже генетически идентичные клетки в одной ткани имеют разные уровни белковой экспрессии, разные размеры и структуру в силу стохастической природы взаимодействия отдельных молекул в клетках. Статистическая природа наследования признаков в «малом» кардинально отличается от детерминированного наследования признаков в «большом» (тема гештальт-биологии). Например, отпечатки кончиков пальцев у всех людей различны при том, что пальцы в «целом» детерминированы по форме и строению (3 фаланги и пр.). Тем самым, биологические феномены связаны с дуализмом «стохастика-детерминизм», изучение которого может привести к построению искусственного интеллекта геноморфного типа, а также дать свой вклад в генетическую инженерию новых материалов, биомедицинские технологии, персональную генетику и пр.

Согласно закону Менделя независимого наследования признаков, информация с уровня молекул ДНК диктует макроструктуры живых тел по многим независимым каналам несмотря на сильные шумы. Так, цвета волос, глаз и кожи наследуются независимо друг от друга. Соответственно, **каждый организм является машиной многоканального помехоустойчивого кодирования**. Автор первой публикации о квантовой биологии П. Йордан утверждал, что упущенные наукой законы живых организмов являются законами вероятностей [McFadden, Al-Khalili, 2018]. В настоящей статье представлены некоторые из открытых автором универсальных правил стохастической организации ДНК геномов высших и низших организмов. Эти результаты привели к авторской доктрине энерго-информационной эволюции на основе био-антенных решеток, выявлению глубокой связи ДНК информатики с формализмами квантовой информатики и алгебрами 2^n -мерных гиперболических чисел в связи с алгебро-биологическими подходами к искусственному интеллекту [Петухов, 2022; Petoukhov, 2021, 2022a,b,c, 2023; Petoukhov, He, 2010, 2023]. Перейдем к представлению полученных результатов.

2. О био-антенных решетках и их участии в эволюции живого

Информационные последовательности нуклеотидов в однокитевых ДНК геномов высших и низших организмов обладают общими статистическими закономерностями, которые являются кандидатами на роль универсальных генетических правил биологической эволюции [Petoukhov, 2022a; Petoukhov, He, 2023]. Эти правила вероятностей n -плетов ДНК были выявлены автором при анализе множества геномных ДНК из генетического банка данных GenBank, включая следующие: 1) всех 24 хромосом человека; 2) всех хромосом

дрозофилы, мыши, червя, многих растений; 3) 19 геномов бактерий и архей; 4) многих экстремофилов, живущих в экстремальных условиях, например, радиации с уровнем в 1000 раз превышающим смертельный для человека.

В ходе анализа этих универсальных правил автор обратил внимание на то, что в каждой конкретной геномной ДНК взаимосвязь соответствующих $(2^n \times 2^n)$ -матриц вероятностей n -плетов описывается матричными равенствами с использованием произведения Адамара по аналогии с известной тензорно-матричной теорией цифровых антенных решеток [Slyusar, 1999], называемых также Интеллектуальными Антеннами [Petoukhov, 2022b].

Антенные решетки имеют тысячи приложений: медицинские сканирующие технологии, сонарные системы, радиорелейные станции, радиоастрономические устройства, авионика и пр. С антенными решетками наука связывает революционные изменения в компьютерах (биофотоника) и энергетике на основе использования наноантенных решеток. Антенные решетки состоят из множества отдельных взаимно согласованных антенн, каждая из которых излучает или поглощает волны определенного частотного диапазона (Рис. 1).



Рис. 1. Примеры изображений антенных решеток (взяты из Интернета).

Fig. 1. Examples of images of antenna arrays (taken from the Internet).

如圖。 1. 天線陣列圖片範例（取自網際網路）。

Антенные решетки имеют замечательные эмерджентные свойства, в силу которых они заполнили мир, им посвящена огромная литература и множество сайтов в Интернете. Они обеспечивают характеристики излучений и приема волн, которые намного превосходят возможное для отдельной антенны, например:

1) В сравнении с отдельной антенной, решетка из N элементов позволяет примерно в N раз увеличить направленность и силу излучения, а также сузить выпускаемые лучи;

2) Антенные решетки являются уникальным инструментом для обеспечения помехоустойчивости связи и извлечения слабого сигнала на фоне сильного шума;

3) Фазированные антенные решетки способны оперировать с многолучевыми генерациями и пр.

Учитывая эти эмерджентные свойства антенных решеток и названную алгебраическую аналогию, автор предположил, что эволюция давно использует

данные свойства в живых организмах. Но в научной литературе не удалось найти ни одной публикации, которая связывала бы биологические феномены с эмерджентными свойствами антенных решеток. Заполняя данный пробел, автор изучил и выявил множество наследуемых биологических структур, связанных с идеей био-антенных решеток и их волновой деятельности. Совокупность этих материалов составляет содержание **доктрины энерго-информационной эволюции на основе био-антенных решеток** [Petoukhov, 2022b,c; Petoukhov, He, 2023]. Приведем некоторые биологические примеры, напоминая при этом, что в живом электрические и механические колебания тесно связаны, поскольку многие ткани являются пьезоэлектриками, например, нуклеиновые кислоты, актин, дентин, сухожилия, кости.

Пример №1. Фасеточные глаза, благодаря которым насекомые и многие другие беспозвоночные получают зрительную информацию и которые служат био-антенными решетками для приема электромагнитных волн (Рис. 2).

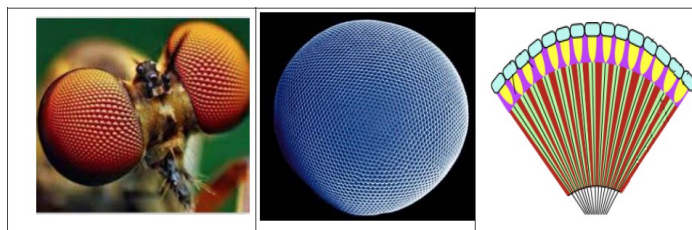


Рис. 2. Примеры фасеточных глаз стрекозы и антарктического криля, а также диаграмма фасеточного глаза насекомых (из

https://en.wikipedia.org/wiki/File:Dragonfly_eye_3811.jpg,
https://en.wikipedia.org/wiki/Compound_eye, https://tftwiki.ru/wiki/Arthropod_eye).

Fig. 2. Examples of the compound eyes of dragonflies and Antarctic krill,

as well as a diagram of the compound eyes of insects

*(from https://en.wikipedia.org/wiki/File:Dragonfly_eye_3811.jpg,
https://en.wikipedia.org/wiki/Compound_eye, https://tftwiki.ru/wiki/Arthropod_eye).*

圖 2. 蜻蜓和南極磷蝦複眼範例，以及昆蟲複眼圖（取自

https://en.wikipedia.org/wiki/File:Dragonfly_eye_3811.jpg,

https://en.wikipedia.org/wiki/Compound_eye, https://tftwiki.ru/wiki/Arthropod_eye)

Пример №2. Врожденные способности биолокации, которыми наделены многие организмы и которые используют направленные волновые излучения. Например, дельфины и летучие мыши способны за счет эхолокации определять дистанцию, размеры и форму объектов по аналогии со способностью Интеллектуальных Антенн в технике. Тело дельфина имеет множество гидроакустических рецепторов, образующих многоэлементную широкополосную принимающую антенную систему (Рис. 3).

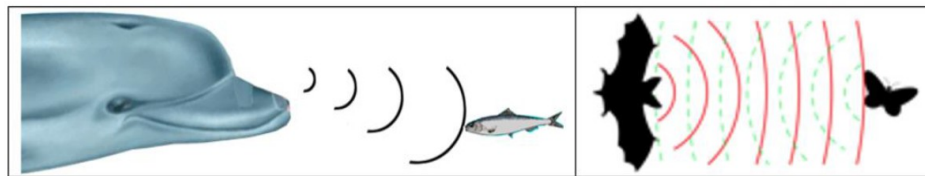


Рис. 3. Примеры биологической эхолокации у дельфина и летучей мыши (из https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Chiroptera_echolocation.svg).

Fig. 3. Examples of biological echolocation in a dolphin and a bat (from https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Chiroptera_echolocation.svg).

圖 3. 海豚和蝙蝠的生物迴聲定位範例 (來自 https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Chiroptera_echolocation.svg)。

Пример №3. Врожденные способности электролокации с генерацией и приемом электрических полей для решения организмами задач поиска, оценки и взаимных коммуникаций. При этом электрорецепторы распределены по всему телу, образуя аналог антенных решеток (Рис. 4). Эхолокация и электролокация в интеллектуальных действиях организмов свидетельствуют о том, что **био-антенны-решетки и их волновая деятельность являются частью природного интеллекта. Развитие теории био-интеллекта должно опираться на знание об**

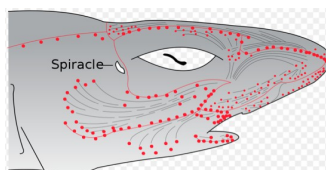


Рис. 4. Распределение электрорецепторов, обозначенных красными точками, на голове акулы (рисунок взят из Википедии)

Fig. 4. Distribution of electroreceptors, indicated by red dots, on the head of a shark (picture taken from Wikipedia).

圖 4. 鯊魚頭部電感受器的分佈 (以紅點表示) (圖取自維基百科)

антенных решетках (Интеллектуальных Антеннах), которое никогда прежде не связывалось с биологией и био-антенными ансамблями.

Пример № 4. Наследуемые ансамбли фотонных кристаллов, которые, например, образуют видовые узоры из чешуек на крыльях бабочек, перьях павлинов и пр. (Рис. 5). Современная техника использует фотонные кристаллы для управления пространственным распределением фотонных пучков. Они являются периодическими оптическими наноструктурами, воздействующими на движение фотонов и связанными с темой нано-антенных решеток.



Рис. 5. Примеры наследуемых узоров из фотонных кристаллов на крыльях бабочек, характерные для разных видов бабочек. Справа показаны фотонно-кристаллические чешуйки, образующие такие узоры (из <https://ru.wikipedia.org/wiki/Чешуекрылые>)

Fig. 5. Examples of inherited patterns of photonic crystals on the wings of butterflies, characteristic of different species of butterflies. Photonic crystal scales forming such patterns are shown on the right (from <https://ru.wikipedia.org/wiki/Lepidoptera>)

圖 5. 蝴蝶翅膀上光子晶體遺傳模式的範例，這是不同蝴蝶物種的特徵。形成此類圖案的光子晶體鱗片顯示在右側（來自 <https://ru.wikipedia.org/wiki/Lepidoptera>）

Пример № 5. ДНК, РНК, некоторые белки, а также мембраны и цитоскелеты клеток являются жидкими кристаллами, ансамбли которых также могут рассматриваться как нано-био-антенные решетки. Дополнительно отметим известный факт, что молекулы способны работать антеннами, организующими потоки электромагнитной энергии. Например, ветвистые молекулы дендримеров в статьях часто называются антеннами. Доктрина эволюции на основе био-антенных решеток позволяет использовать свойства Интеллектуальных Антенн и их скоординированных множеств волн для осмысления биологических феноменов, например:

1. Электромагнитные волны био-антенных решеток вовлечены в оперативную передачу и перераспределение энергии между элементами тела с участием пьезо-вибрационных компонент;
2. Для взаимосвязей между элементами организма важен тип поляризации электромагнитных волн в связи с фундаментальной проблемой биологической диссиметрии и молекулярной хиральности, отмеченной Л.Пастером;
3. Уникальные способности антенных решеток обеспечивать многоканальное помехоустойчивое извлечение слабых сигналов на фоне сильных шумов позволяют использовать их для осмысления организма как машины многоканального помехоустойчивого кодирования.

Касательно роли био-антенных решеток в энергетических потоках в организме можно вспомнить о существовании с древних времен идеи об организующей роли энергетических потоков в нем. Эта идея связана, в частности, с древнекитайской верой в существование особой энергии «чи», циркуляция которой ответственна за здоровье и болезни и которая определяет существование энергетических трактов, называемых акупунктурными меридианами. Возможно, что эта мистическая энергия «чи» сопряжена с волновой энергией био-антенных решеток. Описанные материалы об аналогиях между стохастической организацией геномов, ряда наследуемых физиологических структур и Интеллектуальными Антеннами порождают

мысль, что сам генетический код является следствием волновой деятельности и самоорганизации био-антенных решеток. И что этот код сопряжен с другими наследуемыми физиологическими следствиями этой деятельности. С этой точки зрения секрет структурной организации и происхождения генетического кода надо искать не в случайной комбинации молекулярных элементов генетического кода, а в эмерджентных свойствах самоорганизующихся систем био-антенных решеток. Работа антенн основана на механизмах резонансов, в силу чего представленная доктрина сопряжена с авторской концепцией мульти-резонансной генетики [Petoukhov, 2016, 2022e]. Взаимодействие систем на основе антенных излучений и резонансов хорошо поясняет пример дистанционного открывания дверей автомобиля электронным ключом, антенна которого посылает кодовые электромагнитные волны. Разные машины требуют разных волновых кодов, работающих на резонансах. Добавим, что резонансные взаимодействия используют фундаментальный физический принцип минимизации энергии, поскольку при резонансном объединении частей в единый ансамбль каждый элемент требует меньше энергии для своей работы, чем при индивидуальной работе. Автор также отмечает, что универсальные связи рассматриваемых наборов вероятностей n -плетов в геномных ДНК можно моделировать формализмами квантовой информатики. При этом описываемые универсальные стохастические системы геномных ДНК представляются как закономерная многоуровневая паутина 2-кубитных состояний [Petoukhov, 2022b]. Тем самым, универсальные правила стохастической организации геномных ДНК оказываются связанными не только с формализмами Интеллектуальных Антенн, но и с квантово-информационными формализмами. В этой двойственной связи заключается важное отличие систем био-антенных решеток от инженерных Интеллектуальных Антенн. Для алгебраического моделирования квантово-подобных особенностей в системах вероятностей геномных ДНК автором введено понятие тензор-унитарных преобразований как операторов, сохраняющих длины векторов при их тензорном преобразовании в векторы пространства повышенной размерности [Petoukhov, 2022c; Petoukhov, He, 2023]. Они являются операторами расширения стохастико-детерминистской памяти с сохранением всей предыдущей памяти.

3. Статистические правила последовательностей в геномных ДНК

Генетическая информация в ДНК записывается последовательностями 4 нуклеотидов: аденина А, гуанина G, цитозина С и тимина Т (Рис. 6). ДНК также содержит алфавиты 16 дуплетов, 64 триплетов, 256 тетраплетов, и т.д.

В поиске упущенных – по Йордану – законов вероятностей в живых организмах обратимся к изучению статистических закономерностей в информационных последовательностях одонитевых ДНК геномов высших и низших организмов. Исходные данные об этих ДНК последовательностях содержатся в общедоступном банке генетических данных GenBank

(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>). Для конкретики обратимся к изучению статистических закономерностей в последовательности нуклеотидов одонитевой ДНК первой хромосомы человека, содержащей около 250 миллионов нуклеотидов (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/NC_000001.11). Алфавит 4 нуклеотидов А, G, C, T состоит из двух субалфавитов: пуринов А и G, содержащих два молекулярных кольца и традиционно обозначаемых символом “r”, а также пиримидинов C и T, содержащих одно кольцо и обозначаемых символом “y” (Рис. 6).

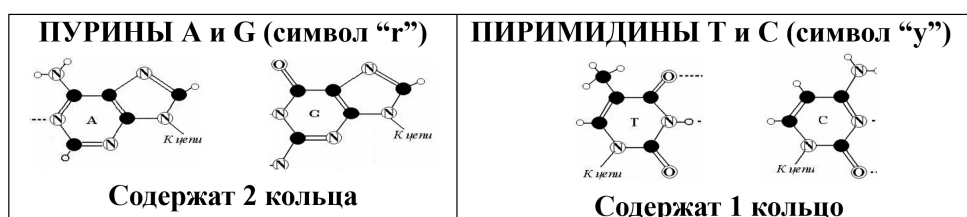


Рис. 6. Изображение молекул пуринов А, G и пиримидинов C, T.
Fig. 6. Image of molecules of purines A, G and pyrimidines C, T.
圖 6. 嘌呤 A、G 和嘧啶 C、T 分子的圖像。

Эта хромосомная нить ДНК представима как бинарная последовательность из примерно 250 миллионов пуринов “r” и пиримидинов “y” типа: гууугггууг... . Исследуем ее процентный состав: - сначала представим ее как последовательность одиночных символов r-y-y-y-r-... и подсчитаем в ней проценты %r и %y; - затем представим ее как последовательность дуплетов гу-уу-гг-уг-... и подсчитаем в ней проценты каждого возможного вида дуплетов пуринов и пиримидинов %gr, %gy, %yg, %yy; - затем аналогично представляем ту же бинарную пурин-пиримидиновую последовательность ДНК как последовательность триплетов, тетраплетов, пентаплетов, ..., подсчитывая в них каждый раз проценты соответствующих видов *n*-плетов из пуринов и пиримидинов. В результате для ДНК хромосомы человека №1 получаем представленные в Таблице №1 семейства процентов *n*-плетов пуринов “r” и пиримидинов “y” (проценты даны в долях единицы).

Таблица 1. Проценты *n*-плетов пуринов “r” и пиримидинов “y” в представлении информационной последовательности ДНК первой хромосомы человека как бинарной последовательности пуринов А, G и пиримидинов C и T (*n* = 1, 2, 3, 4, 5). Проценты даны в долях единицы. Полиплеты, начинающиеся с пуринов (пиримидинов), обозначены красным (синим). Пояснение в тексте.

%r	%y	%rr	%ry	%yr	%yy
0,499745	0,500255	0,280682	0,219000	0,219026	0,281192

%rrr	%rry	%ryr	%ryy	%yrr	%yry	%yyr	%yyy
0,164628	0,1160615	0,103115	0,116037	0,115959	0,10310291	0,115942	0,165155

%rrrr	%rrry	%rryr	%rryy	%ryrr	%ryry	%ryyr	%ryyy
0,097738	0,0669275	0,05563	0,060408	0,055506	0,04760742	0,048985	0,066984

%yrrr	%yrry	%ryrr	%ryry	%yyrr	%yyry	%yyyrr	%yyyry
0,066911	0,0490378	0,047495	0,055562	0,060507	0,0555435	0,066937	0,098221

%rrrrr	%rrrry	%rrrrr	%rrrry	%rrrrr	%rrrry	%rrrrr	%rrrry
0,058406	0,039346	0,033114	0,033763	0,031346	0,024265	0,026528	0,033903

%rrrrr	%rrrry	%rrrrr	%rrrry	%rrrrr	%rrrry	%rrrrr	%rrrry
0,031638	0,023907	0,023224	0,024365	0,025092	0,023901	0,027694	0,039302

%rrrrr	%rrrry	%rrrrr	%rrrry	%rrrrr	%rrrry	%rrrrr	%rrrry
0,039308	0,02757	0,022486	0,026557	0,024177	0,023287	0,02251	0,033136

%rrrrr	%rrrry	%rrrrr	%rrrry	%rrrrr	%rrrry	%rrrrr	%rrrry
0,035361	0,025158	0,024313	0,031213	0,035315	0,031614	0,039299	0,058902

Данные этой Таблицы показывают неожиданное существование в данной хромосомной ДНК весьма строгой закономерности во всех рассматриваемых семействах n -плетов: любые два n -плета, имена которых отличаются взаимной заменой в них пуринов и пиримидинов ($r \Leftrightarrow y$), имеют практически равные величины процентов в ней. Например, %**ryy** = 0,116037..., а %**yrr** = 0,115959... . Рис. 7 иллюстрирует эту закономерность статистической организации данной хромосомной ДНК в виде диаграмм, левая и правая половины каждой из которых практически зеркально-симметричны. Если **r** и **y** обозначить соответственно, как **0** и **1**, то очередность следования n -плетов в каждом из их семейств в Таблице 1 и на соответствующих диаграммах будет соответствовать упорядоченности членов по возрастанию в диадической группе бинарных чисел (Рис. 7). Например, для семейства 8 триплетов имеем в Таблице 1 и на Рис. 7 упорядоченность **rrr**, **rry**, **ryr**, **ryy**, **yrr**, **yry**, **yyr**, **yyy**, то есть **000**, **001**, **010**, **011**, **100**, **101**, **110**, **111**.

Кроме того, между представленными в Таблице 1 семействами процентов n -плетов пуринов и пиримидинов при разных n имеется неожиданная закономерная связь. Она имеет форму высокоточного каскадного двойникования (при изученных значениях $n = 1, 2, 3, 4, 5$): процент любого n -плета практически равен сумме процентов таких двух $(n+1)$ -плетов, которые отличаются от него наличием суффиксов “r” или “y” (равенство с точностью до 4-го или 5-го знака после запятой).

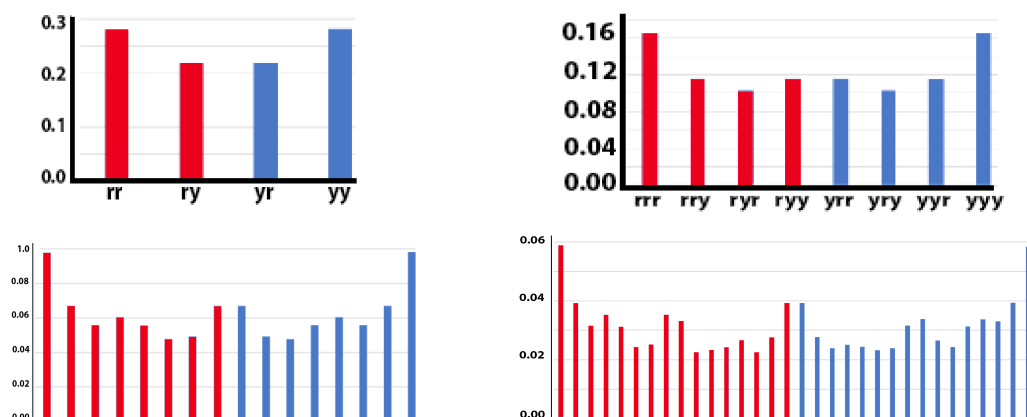


Рис. 7. Диаграммы процентов n -плетов пуринов и пиримидинов в семействах 4 дуплетов, 8 триплетов, 16 тетраплетов и 32 пентаплетов из Таблицы 1. Очередность следования столбцов соответствует очередности следования соответствующих n -плетов в Таблице 1, связанной с диадическими группами бинарных чисел (пояснение в тексте). По оси ординат отложены величины вероятностей, по оси абсцисс – номера следования n -плетов.

Fig. 7. Diagrams of the percentage of n -plets of purines and pyrimidines in the families of 4 duplets, 8 triplets, 16 tetraplets and 32 pentaplets from Table 1. The order of the columns corresponds to the order of the corresponding n -plets in Table 1, which are associated with dyadic groups of binary numbers (explanation in text). The ordinate axis shows the probability values, and the abscissa axis shows the sequence numbers of n -plets.

圖 7. 表 1 中 4 個雙聯體、8 個三聯體、16 個四聯體和 32 個五聯體家族中嘌呤和嘧啶 n 聯體的百分比圖。列的順序對應於對應 n 聯體的順序表 1 與二進制數的二元組相關（文中解釋）。縱軸表示機率值，橫軸表示 n 個樣本的序號。

Эта феноменологическая связь ведет к существованию фрактального дихотомического дерева процентов (Рис. 8), в котором каждый узел является началом своего собственного фрактального дихотомического дерева [Петухов, 2022; Petoukhov, 2023a,b].

Эти статистические правила организации геномных ДНК, представленные на примере ДНК первой хромосомы человека, справедливы также для других исследованных и названных выше геномов высших и низших организмов. Во многом аналогичные результаты для геномных одонитевых ДНК получены также в случае представлений их последовательностей нуклеотидов как бинарных последовательностей кето-молекул и amino-молекул или последовательностей сильных и слабых водородных связей [Petoukhov, 2023].

Дихотомии в биологических телах хорошо известны: бронхиальное дерево легких, ветвления в нейронах и у растений, митоз соматических клеток, и т.д. Но в информатике геномных ДНК в отличие от телесных конструкций мы встречаемся с принципиально иным типом дихотомии: дихотомиями процентных (вероятностных) характеристик в многослойной статистике информационных последовательностей ДНК. Обширные дихотомические

фрактальные сети вероятностей геномных ДНК – это та информационная почва, из которой произрастают живые тела и генетический интеллект. Вещественные дихотомические структуры живых тел возникают не на пустом месте, а имеют структурные прототипы в закономерной бинарной фрактало-подобной системе вероятностей геномной информатики.

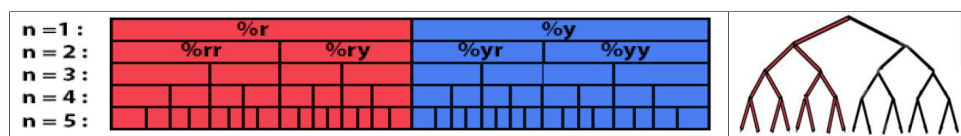


Рис. 8. Диаграмма сравнения процентов n -плетов пуринов и пиримидинов при разных значениях n и соответствующее фрактальное дерево вероятностей (справа). На каждом уровне диаграммы длины интервалов пропорциональны процентным значениям соответствующих n -плетов из Таблицы 1. Видны отношения дихотомии (или двойникования) между длинами соответствующих интервалов на соседних уровнях.

Fig. 8. Diagram comparing the percentages of n -plets of purines and pyrimidines for different values of n and the corresponding fractal probability tree (right). At each level, the interval lengths in diagrams are proportional to the percentage values of the corresponding n -plets from Table 1.

The dichotomy (or twinning) relationships between the lengths of the corresponding intervals at adjacent levels are visible.

圖8. 比較不同 n 值下嘌呤和嘧啶的 n -plet 百分比以及對應的分形機率樹的圖表（右）。在每個級別，間隔長度圖與表 1 中相應 n 個樣本的百分比值成正比。相鄰級別相應間隔長度之間的二分（或孿生）關係是可見的。

Выявление универсальных статистических дихотомий в геномах позволяет по-новому осмысливать явления дихотомий в живых телах. Например, почему на протяжении миллиардов лет жизни на Земле бактерии размножаются дихотомическим делением тела на две половины? На какие структурно-энергетические основы опирается этот «вечный» дихотомический феномен размножения бактерий со сложнейшим процессом дихотомического разделения всей дихотомически организованной генетической информации? Автор предлагает следующий ответ: существует скрытый от непосредственного восприятия мир семейств вероятностей, структурированных на основе бинарных оппозиций (типа Инь-Ян). Именно по образу и подобию бинарно организованных семейств вероятностей этого многомерного мира строятся генетически наследуемые биологические тела. Наши тела являются как бы одеждой, надетой на эти бинарно структурированные семейства вероятностей, выступающие их прототипами. Это напоминает древние представления о проявленном и непроявленном мирах и знаменитую аллегория Платона о мире идей и тенях на стене пещеры, по которым люди, живущие в пещере, могут судить об истинном скрытом мире идей.

4. Генетические матрицы вероятностей n -плетов ДНК

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

Рис. 10. Генетическая матрица 64 триплетов из Рис. 9 и кодируемых ими аминокислот и стоп-кодонов для случая генетического кода митохондрий позвоночных, который считается наиболее древним и симметричным среди всех диалектов генетического кода.

Fig. 10. Genetic matrix of 64 triplets (from Fig. 9) and the amino acids and stop codons they encode for the case of the genetic code of vertebrate mitochondria, which is considered the most ancient and symmetrical among all dialects of the genetic code.

圖 10. 64 個三聯體的遺傳矩陣以及它們編碼的脊椎動物線粒體遺傳密碼的氨基酸和終止密碼子，線粒體遺傳密碼被認為是所有方言中最古老和對稱的遺傳密碼。

В двойной спирали ДНК комплементарные (т.е. стоящие напротив друг друга) нуклеотиды А и Т соединены 2 водородными связями, а нуклеотиды С и G соединены 3 водородными связями, что дает представление $A=T=2$ и $C=G=3$. В связи с этим любой n -плет может быть представлен в виде, при котором каждый его нуклеотид заменяется соответствующей ему цифрой 2 или 3. Например, в этом случае символьный триплет САТ представляется в виде цифрового триплета 322, и все матрицы символьных n -плетов на Рис. 9 становятся матрицами соответствующих цифровых n -плетов [Petoukhov, 2023a,b]. Можно также в матрицах Рис. 9 представить каждый символьный триплет водородных связей как процент (вероятность) его реализации в n -плетном представлении рассматриваемой ДНК. Тогда алгоритмические матрицы на Рис. 9 становятся алгоритмическими матрицами вероятностей n -плетов водородных связей в этой ДНК (Рис. 11).

Эти матрицы являются матричными представлениями 2-, 4- и 8-мерных гиперболических чисел, что выявляется диадо-сдвиговой декомпозицией каждой из них на набор разреженных матриц, замкнутый относительно умножения и определяющий таблицу умножения базисных элементов соответствующей алгебры [Петухов, 2008; Petoukhov, He, 2023].

%3	%2	%33	%32	%23	%22	%333	%332	%323	%322	%233	%232	%223	%222
%2	%3	%32	%33	%22	%23	%332	%333	%322	%323	%232	%233	%222	%223
		%23	%22	%33	%32	%323	%322	%333	%332	%223	%222	%233	%232
		%22	%23	%32	%33	%322	%323	%332	%333	%222	%223	%232	%233
						%233	%232	%223	%222	%333	%332	%323	%322
						%232	%233	%222	%223	%332	%333	%322	%323
						%223	%222	%233	%232	%323	%322	%333	%332
						%222	%223	%232	%233	%322	%323	%332	%333

Рис. 11. Матрицы вероятностей моноплетов, дуплетов и триплетов водородных связей в рассматриваемой ДНК.

Fig. 11. Probability matrices of monoplets, duplets and triplets of hydrogen bonds in the DNA under consideration.

圖 11. 所考慮的 DNA 中氫鍵單聯體、雙聯體和三聯體的機率矩陣。

Например, Рис. 12 показывает декомпозицию (2×2) -матрицы из Рис. 11 на две разреженные матрицы e_0 и e_1 , набор которых замкнут по умножению и определяет таблицу умножения алгебры 2-мерных гиперболических чисел $x+jy$, где x и y являются действительными числами, а j – мнимая единица гиперболических чисел, удовлетворяющая условиям $j^2 = +1$. Соответственно, рассматриваемая матрица является матричным представлением 2-мерного гиперболического числа $\%3 + \%2j$.

$$\begin{vmatrix} \%3, \%2 \\ \%2, \%3 \end{vmatrix} = \%3 * \begin{vmatrix} 1, 0 \\ 0, 1 \end{vmatrix} + \%2 * \begin{vmatrix} 0, 1 \\ 1, 1 \end{vmatrix} = \%3 * e_0 + \%2 * e_1;$$

*	e_0	e_1
e_0	e_0	e_1
e_1	e_1	e_0

Рис. 12. Декомпозиция (2×2) -матрицы вероятностей водородных связей из Рис. 11 на две разреженные матрицы, определяющих таблицу умножения алгебры 2-мерных гиперболических чисел (справа).

Fig. 12. Decomposition of the (2×2) matrix of hydrogen bond probabilities from Fig. 11 into two sparse matrices defining the multiplication table of the algebra of 2-dimensional hyperbolic numbers (right).

圖 12. 將 (2×2) 氫鍵機率矩陣分解為兩個稀疏矩陣，定義二維雙曲數代數乘法表（右）。

Гиперболические числа связаны с гиперболической геометрией Лобачевского, с которой согласно публикациям многих авторов сопряжены структуры многих физиологических систем [Боднар, 1992; Смолянинов, 2000; Ghaninia et al., 2022; Zhang et al., 2023; Zhou, Sharpee, 2021; Zhou, Smith, Sharpee, 2018], релятивистские биосолитоны синус-Гордона [Петухов, 1999], теория автоморфных функций Пуанкаре и помехоустойчивого кодирования [Preskill, 2016], глубокие нейросети для искусственного интеллекта (см. обзор [Peng et al., 2022]) и др. Обнаружение связи генетического кодирования с 2^n -мерными гиперболическими числами открывает новые возможности для осмысления и моделирования генетических явлений и взаимного обогащения генетики и названных наук. Помимо этого, данная связь позволяет ставить задачу паспортизации ДНК всех генов и геномов на основе этих многомерных

чисел для сравнительного анализа разных ДНК средствами векторно-метрического анализа.

Генетические матрицы вероятностей n -плетов в ДНК являются бисимметричными и имеют собственные числа, собственные вектора и характеристические полиномы. Эти полиномы сближают алгебраическую генетику с алгебраической геометрией, которая является одной из центральных ветвей математики и фокусируется на полиномиальных функциях [Petoukhov, 2023a,b].

5. Некоторые заключительные замечания

Со времен философских работ Мартина Хайдеггера существует представление о том, что язык умнее нас. Представленные выше и другие результаты получены автором на основе использования языка матрично-тензорного анализа, являющегося одной из основ современного математического естествознания. Получив первые подтверждения адекватности этого языка для моделирования системы генетического кодирования, автор начал использовать его богатые возможности в новой научной области, то есть в матричной генетике и алгебраической биологии, руководствуясь внутренними особенностями этого алгебраического языка и получая – благодаря ему – новые и новые биологические результаты [Петухов, 2008; 2023b; Petoukhov, He, 2023]. Иными словами, генетические структуры переводятся автором на этот алгебраический язык с получением в конечном итоге совершенно новых биологических смыслов и универсальных закономерностей. В частности, представленные выше универсальные правила дихотомий и фракталов вероятностей в информационных последовательностях геномных ДНК дают новые материалы для осмысления генетических основ наследуемых телесных дихотомий и фракталов в организмах. Они позволяют думать о существовании скрытого мира бинарных квази-стохастических сущностей, которые являются прародителями биоструктур и, возможно, сопряжены с конденсатом Бозе-Эйнштейна и теориями квантово-механических далеко-действующих связей в живом. Они также расширяют знания о фундаментальном значении древнего принципа *«подобное порождает подобное»* для разных уровней биологической организации, а также открывают новые подходы для понимания и моделирования генетического интеллекта [Petoukhov, 2023b; Petoukhov, He, 2023].

Автор благодарен всем коллегам, которые на протяжении многих лет содействовали в развитии исследований по генетической биомеханике и алгебраической биологии. Особенную признательность автор выражает В.И.Свирину, компьютерные программы которого активно использовались в этих исследованиях и в соавторстве с которым опубликован ряд материалов.

1. Introduction

Living organisms are endowed with innate intellectual abilities for searching for food, escaping from predators, mating, and building (webs of spiders, honeycombs of bees, complex nests of weaver birds, etc.). Of particular interest is genetic intelligence, by which we understand that part of the intellectual potential of living organisms, which allows, on the basis of genetic information in DNA and RNA molecules, to build, for example, from one fertilized cell an organism with trillions of cells. At the same time, in such a structured organism, parental characteristics are reproduced in a multi-channel, noise-resistant manner, despite strong noise and constantly changing nutritional conditions and external influences throughout life. The functional characteristics of the genetic system are striking. For example, the speed of replication (reading the “text”) of a DNA strand in the bacterium *Escherichia coli* is over 1000 nucleotides per second [Bank, 2022] (it was the surprise at the speed of “genetic automata” that led the outstanding mathematician Yu.I. Manin to the pioneering idea of quantum computers [Manin, 1980]). Enzymes in living bodies work millions of times more efficiently than the best catalysts in laboratories: what an enzyme does in a living body in 1 second, a catalyst in a laboratory can do only in 100 thousand years. When creating artificial intelligence systems, one should look at the algorithms and universal structures of genetic inheritance from living nature. The article is devoted to some results of such peeping through the prism of algebra. In studies of the living, one should remember **the key difference between living bodies and inanimate ones**, which was pointed out by the creators of quantum mechanics P. Jordan and E. Schrödinger: inanimate objects are controlled by the average random movement of their millions of particles and the movement of individual particles is not significant for the whole; on the contrary, in a living organism, selected – genetic – molecules have a dictatorial influence on the entire organism due to quantum enhancement (see the history of “quantum biology” [McFadden, Al-Khalili, 2018]). In accordance with this, to reveal the secrets and patents of living nature, it is necessary to study the laws of DNA informatics. The purpose of the article is to present the author's results of such a study. Genetics as a science began with Mendel's discovery of the rules of stochastic (probabilistic) inheritance of traits in experiments on crossing organisms. Many processes in living bodies are stochastic. Even genetically identical cells in the same tissue have different levels of protein expression, different sizes and structures due to the stochastic nature of the interaction of individual molecules in cells. The statistical nature of the inheritance of traits in the “small” is radically different from the deterministic inheritance of traits in the “big” (the topic of Gestalt biology). For example, the fingerprints of all people are different, despite the fact that the fingers as a whole are determined in shape and structure (3 phalanges, etc.). Thus, biological phenomena are associated with the dualism “stochastics-determinism”, the study of which can lead to the construction of artificial intelligence of the genomorphic type, as well as contribute to the genetic

engineering of new materials, biomedical technologies, personal genetics, etc.

According to Mendel's law of independent inheritance of traits, information from the level of DNA molecules dictates the macrostructure of living bodies through many independent channels despite strong noise. For example, hair, eye and skin colors are inherited independently of each other. Accordingly, each **organism is a multi-channel noise-immunity coding machine**.

The author of the first publication on quantum biology, P. Jordan, argued that the laws of living organisms missed by science are laws of probability [McFadden, Al-Khalili, 2018]. This article presents some of the universal rules discovered by the author for the stochastic organization of DNA in the genomes of higher and lower organisms. These results led to the author's doctrine of energy-information evolution based on bio-antenna arrays, and also to the identification of a deep connection between DNA-informatics and the formalisms of quantum information science and algebras of 2^n -dimensional hyperbolic numbers in connection with algebra-biological approaches to artificial intelligence [Petoukhov, 2021, 2022a-d, 2023; Petoukhov, He, 2010, 2023]. Let's move on to presenting the results obtained.

2. Regarding bio-antenna arrays and their participation in the evolution of living bodies

Information sequences of nucleotides in single-stranded DNAs of genomes of higher and lower organisms have general statistical patterns that are candidates for the role of universal genetic rules of biological evolution [Petoukhov, 2022b; Petoukhov, He, 2023]. These DNA n -plet probability rules were identified by the author when analyzing a variety of genomic DNA from the genetic data bank GenBank, including the following: 1) all 24 human chromosomes; 2) all chromosomes of *Drosophila*, mouse, worm, many plants; 3) 19 genomes of bacteria and archaea; 4) many extremophiles living in extreme conditions, for example, radiation with a level 1000 times higher than lethal for humans.

During the analysis of these universal rules, the author drew attention to the fact that in each specific genomic DNA, the relationship between the corresponding $(2^n \times 2^n)$ -matrices of n -plet probabilities is described by matrix equalities using the Hadamard product by analogy with the known tensor-matrix theory of digital antenna arrays [Slyusar, 1999], which are also called Intelligent Antennas [Petoukhov, 2022b].

Antenna arrays have thousands of applications in modern technics: medical scanning technologies, sonar systems, radio relay stations, radio astronomy devices, avionics, etc. Science awaits revolutionary changes in computers (biophotonics) and solar energetics with nanoantenna arrays. Antenna arrays consist of many individual, mutually matched antennas, each of which emits or absorbs waves of a specific frequency range (Fig. 1).

Antenna arrays have remarkable emergent properties, due to which they have

captivated the world; a huge literature and many Internet sites are devoted to them. They provide wave emission and reception characteristics that far exceed what is possible with a single antenna, for example:

1) Compared to a separate antenna, an array of N elements makes it possible to increase the directivity and strength of radiation approximately N times, as well as narrow the emitted rays;

2) Antenna arrays are a unique tool for ensuring noise immunity of communications and extracting a weak signal against a background of strong noise;

3) Phased array antennas are capable of operating with multi-beam generation, etc.

Taking into account these emergent properties of antenna arrays and the mentioned algebraic analogy, the author suggested that evolution has long been using these properties in living organisms. But in the scientific literature it was not possible to find a single publication that would connect biological phenomena with the emergent properties of antenna arrays. Filling this gap, the author has studied and identified many inherited biological structures associated with the idea of bio-antenna arrays and their wave activity. The totality of these materials constitutes the content of the doctrine of energy-information evolution based on bio-antenna arrays [Petoukhov, 2022b-d; Petoukhov, He, 2023]. Let us give some biological examples, recalling that in living things electrical and mechanical vibrations are closely related, since many tissues are piezoelectric, for example, nucleic acids, actin, dentin, tendons, bones.

Example No. 1. Compound eyes, through which insects and many other invertebrates receive visual information and which serve as bio-antenna arrays for receiving electromagnetic waves (Fig. 2).

Example No. 2. Innate dowsing abilities, which many organisms are endowed with and which use directed wave radiation. For example, dolphins and bats are able to use echolocation to determine the distance, size and shape of objects, similar to the ability of Intelligent Antennas in technology. The dolphin's body has many hydroacoustic receptors, forming a multi-element broadband receiving antenna system (Fig. 3).

Example No. 3. Innate abilities of electrolocation with the generation and reception of electric fields by organisms to solve problems of search, evaluation and mutual communications. In this case, electroreceptors are distributed throughout the body, forming an analogue of antenna arrays (Fig. 4).

Echolocation and electrolocation in the intelligent actions of organisms indicate that **bio-antenna arrays and their wave activity are part of biological intelligence. The development of the theory of bio-intelligence must be based on knowledge about antenna arrays (Intelligent Antennas), which has never before been associated with biology and bio-antenna ensembles.**

Example No. 4. Inherited ensembles of photonic crystals, which, for example,

form specific patterns of scales on the wings of butterflies, the feathers of peacocks, etc. (Fig. 5). Modern technology uses photonic crystals to control the spatial distribution of photon beams. They are periodic optical nanostructures that affect the motion of photons and are related to the topic of nano-antenna arrays.

Example No. 5. DNA, RNA, some proteins, as well as membranes and cytoskeletons of cells are liquid crystals, the ensembles of which can also be considered as nano-bio-antenna arrays. Additionally, we note the well-known fact that individual molecules are capable of acting as antennas that organize flows of electromagnetic energy. For example, branched dendrimer molecules are often called antennas in articles.

The doctrine of evolution based on bio-antenna arrays makes it possible to use the properties of Intelligent Antennas and their coordinated sets of waves to understand biological phenomena, for example:

1. Electromagnetic waves of bio-antenna arrays are involved in the operational transmission and redistribution of energy between body elements with the participation of piezo-vibration components;

2. For the relationships between the elements of the body, the type of polarization of electromagnetic waves is important in connection with the fundamental problem of biological dissymmetry and molecular chirality, noted by L. Pasteur;

- 3) The unique ability of antenna arrays to provide multi-channel noise-resistant extraction of weak signals against a background of strong noise allows them to be used to understand the body as a multi-channel noise-immunity coding machine.

Regarding the role of bio-antenna arrays in energy flows in the body, we can recall the existence since ancient times of the idea of the organizing role of energy flows in it. This idea is associated, in particular, with the ancient Chinese belief in the existence of a special energy "chi", the circulation of which is responsible for health and disease and which determines the existence of energy tracts called acupuncture meridians. It is possible that this mystical chi energy is associated with the wave energy of bio-antenna arrays.

The described materials about the analogies between the stochastic organization of genomes, a number of inherited physiological structures and Intelligent Antennas give rise to the idea that the genetic code itself is a consequence of wave activity and self-organization of bio-antenna arrays. And that this code is associated with other heritable physiological consequences of this activity. From this point of view, the secret of the structural organization and origin of the genetic code should be sought not in a random combination of molecular elements of the genetic code, but in the emergent properties of self-organizing systems of bio-antenna arrays. The operation of antennas is based on resonance mechanisms, due to which the presented doctrine is associated with the author's concept of multi-resonance genetics [Petoukhov, 2016]. The interaction of systems based on antenna radiation and resonances is well

illustrated by the example of remotely opening car doors using an electronic key, the antenna of which sends coded electromagnetic waves. Different machines require different wave codes operating on resonances. Let us add that resonant interactions use the fundamental physical principle of energy minimization, since when parts are resonantly combined into a single ensemble, each element requires less energy for its operation than when operating individually.

The author also notes that the universal connections of the considered sets of n -plet probabilities in genomic DNAs can be modeled using the formalisms of quantum information science. In this case, the described universal stochastic systems of genomic DNAs are represented as a regular multi-level web of 2-qubit states [Petoukhov, 2022b; Petoukhov, He, 2023]. Thus, the universal rules of the stochastic organization of genomic DNAs turn out to be associated not only with the formalisms of Intelligent Antennas, but also with quantum information formalisms. This dual relationship is an important difference between bio-antenna array systems and engineered Intelligent Antennas.

For algebraic modeling of quantum-like features in probability systems of genomic DNA, the author introduced the concept of tensor-unitary transformations as operators that preserve the lengths of vectors during their tensor transformation into space vectors of increased dimensionality [Petoukhov, 2022c; Petoukhov, He, 2023]. They are operators for expanding stochastic-deterministic memory while preserving all previous memory.

3. Statistical rules for sequences in genomic DNAs

Genetic information in DNA is written in sequences of 4 nucleotides: adenine A, guanine G, cytosine C and thymine T (Fig. 6). DNA also contains alphabets of 16 duplets, 64 triplets, 256 tetraplets, etc.

In search of the missing - according to Jordan - laws of probability in living organisms, let us turn to the study of statistical patterns in the information sequences of single-stranded DNAs of genomes of higher and lower organisms. Initial data on these DNA sequences are contained in the publicly available genetic data bank GenBank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>). For example, let us turn to the study of statistical patterns in the nucleotide sequence of single-stranded DNA of the first human chromosome, containing about 250 million nucleotides (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_000001.11). The alphabet of 4 nucleotides A, G, C, T consists of two sub-alphabets: purines A and G, containing two molecular rings and traditionally designated by the symbol “r”, as well as pyrimidines C and T, containing one ring and designated by the symbol “y” (Fig. 6).

This DNA chromosomal strand can be represented as a binary sequence of approximately 250 million “r” purines and “y” pyrimidines of the type: ryyrryrryyr... . Let's examine its percentage composition:

- first, let's imagine it as a sequence of single symbols r-y-y-y-r-r... and

calculate the percentages %r and %y;

- then imagine it as a sequence of duplets ry-yy-rr-yr... and calculate the percentages of each possible type of duplets of purines and pyrimidines %rr, %ry, %yr, %yy;

- then we similarly represent the same binary purine-pyrimidine sequence as a sequence of triplets, tetraplets, pentaplets, ..., each time counting the percentages of the corresponding types of n-plets from purines and pyrimidines. As a result, for the DNA of human chromosome No. 1, we obtain the families of percentages of n-plets of purines “r” and pyrimidines “y” presented in Table No. 1. n-plets starting with purines (pyrimidines) are indicated in red (blue).

Table 1. Percentages of n-plets of purines “r” and pyrimidines “y” in the representation of the DNA information sequence of the first human chromosome as a binary sequence of purines A, G and pyrimidines C and T (n = 1, 2, 3, 4, 5). Percentages are given in fractions of one; n-plets starting with purines (pyrimidines) are indicated in red (blue). Explanation in the text.

%r	%y	%rr	%ry	%yr	%yy
0,499745	0,500255	0,280682	0,219000	0,219026	0,281192

%rrr	%rry	%ryr	%ryy	%yrr	%yry	%yyr	%yyy
0,164628	0,1160615	0,103115	0,116037	0,115959	0,10310291	0,115942	0,165155

%rrrr	%rrry	%rryr	%rryy	%ryrr	%ryry	%ryyr	%ryyy
0,097738	0,0669275	0,05563	0,060408	0,055506	0,04760742	0,048985	0,066984
%yrrr	%yrry	%yryr	%yryy	%yyrr	%yyry	%yyyr	%yyyy
0,066911	0,0490378	0,047495	0,055562	0,060507	0,0555435	0,066937	0,098221

%rrrrr	%rrrry	%rrrrr	%rrrry	%rrrrr	%rrrry	%rrrrr	%rrrry
0,058406	0,039346	0,033114	0,033763	0,031346	0,024265	0,026528	0,033903
%ryrrr	%ryrry	%ryrrr	%ryrry	%ryrrr	%ryrry	%ryrrr	%ryrry
0,031638	0,023907	0,023224	0,024365	0,025092	0,023901	0,027694	0,039302
%yrrrr	%yrrry	%yrrrr	%yrrry	%yrrrr	%yrrry	%yrrrr	%yrrry
0,039308	0,02757	0,022486	0,026557	0,024177	0,023287	0,02251	0,033136
%yyrrr	%yyrry	%yyrrr	%yyrry	%yyrrr	%yyrry	%yyrrr	%yyrry
0,035361	0,025158	0,024313	0,031213	0,035315	0,031614	0,039299	0,058902

The data in this Table show the unexpected existence of a very strict pattern in a given chromosomal DNA in all the n-plet families under consideration: any two n-plets, whose names differ in the mutual replacement of purines and pyrimidines in them ($r \Leftrightarrow y$) and %yrr = 0.115959....

Fig. 7 illustrates this pattern of statistical organization of the chromosomal DNA

in the form of diagrams, the left and right halves of each of which are almost mirror-symmetrical. If **r** and **y** are designated as **0** and **1**, respectively, then the order of n-plets in each of their families in Table 1 and on the corresponding diagrams will correspond to the ordering of members in ascending order in the dyadic group of binary numbers (Fig. 7). For example, for a family of 8 triplets we have in Table 1 and Fig. 7 ordering **rrr**, **rry**, **ryr**, **ryy**, **yrr**, **yry**, **yyr**, **yyy**, that is, **000**, **001**, **010**, **011**, **100**, **101**, **110**, **111**.

In addition, there is an unexpected regular connection between the families of percentages of n-plets of purines and pyrimidines presented in Table 1 at different n. It has the form of high-precision cascade twinning (for the studied values of $n = 1, 2, 3, 4, 5$): the percentage of any n-plet is practically equal to the sum of the percentages of two $(n+1)$ -plets that differ from it by the presence of the suffixes “r ” or “y” (equality accurate to the 4th or 5th decimal place). This phenomenological connection leads to the existence of a fractal dichotomous tree of percentages (Fig. 8), in which each node is the beginning of its own fractal dichotomous tree [Petoukhov, 2022; Petoukhov, 2023a,b].

These statistical rules for the organization of genomic DNA, presented by the example of the DNA of the first human chromosome, are also valid for DNAs of other genomes of higher and lower organisms studied and named above. In many ways, similar results for genomic single-stranded DNA were also obtained in the case of representations of their nucleotide sequences as binary sequences of keto molecules and amino molecules or binary sequences of strong and weak hydrogen bonds [Petoukhov, 2023].

The dichotomies in biological bodies are well known: the bronchial tree of the lungs, branching in neurons and plants, mitosis of somatic cells, etc. But in the informatics of genomic DNAs, in contrast to bodily structures, we encounter a fundamentally different type of dichotomy: dichotomies of percentage (probabilistic) characteristics in multilayer statistics of DNA information sequences. Vast dichotomous fractal networks of genomic DNAs probabilities are the informational soil from which living bodies and genetic intelligence grow. The material dichotomous structures of living bodies do not arise out of nowhere, but have structural prototypes in the natural binary fractal-like probability system of genomic informatics.

The identification of universal statistical dichotomies in genomic DNAs allows us to understand in a new way the phenomena of dichotomies in living bodies. For example, why, over billions of years of life on Earth, do bacteria reproduce by dichotomously dividing the body into two halves? What structural and energetic foundations does this “eternal” dichotomous phenomenon of bacterial reproduction with the most complex process of dichotomous separation of all dichotomously organized genetic information rely on? The author offers the following answer: there is a world of families of probabilities, hidden from direct perception, structured on

the basis of binary oppositions (Yin-Yang type). It is in the image and likeness of binary organized families of probabilities of this multidimensional world that genetically inherited biological bodies are built. Our bodies are like clothes put on these binary structured families of probabilities, which act as their prototypes. This is reminiscent of the ancient ideas about the manifest and unmanifest worlds and Plato's famous allegory about the world of ideas and the shadows on the wall of a cave, by which people living in the cave can judge the true hidden world of ideas.

4. Genetic matrices of DNA n-plet probabilities

The alphabet of 4 nucleotides of DNA is a system of binary oppositional features:

1) two of these nucleotides are purines (A and G), and the other two (C and T) are pyrimidines, which gives the representation $C = T = 0, A = G = 1$;

2) two of these nucleotides are keto molecules (T and G), and the other two (C and A) are amino molecules, which gives the representation $C = A = 0, T = G = 1$.

Because of this, DNA alphabets of 4 letters, 16 duplets and 64 triplets are presented in the form of square tables, the columns of which are numbered with binary indicators “pyrimidine or purine” ($C = T = 0, A = G = 1$), and the rows - with binary indicators “amino or keto” ($C = A = 0, T = G = 1$). In such tables, all letters, duplets and triplets automatically occupy a strictly individual place (Fig. 9). These 3 tables are not just tables, but form a single tensor family of matrices [Petoukhov, 2008].

How are the 20 amino acids and stop signals of protein synthesis encoded by them located in this algorithmically constructed matrix of 64 triplets? This arrangement cannot be predicted, since the amino acids and nucleotides A, C, G, T are completely different in structure. The number of options for the arrangement of amino acids with their repetitions to fill the entire (8×8) matrix is huge: $\gg 10^{100}$ (for comparison, in physics, the lifetime of the Universe is estimated at 10^{17} seconds). Will this arrangement of amino acids be chaotic or will it suddenly turn out to be regular symmetrical? It turns out that from the ocean of possibilities, Nature chose an algebraically regular variant of the repetition and arrangement of amino acids and stop signals in this matrix of 64 triplets, shown in Fig. 10: this matrix consists of pairs of adjacent rows, identical in composition of amino acids and stop codons [Petoukhov, 2008; Petoukhov, He, 2023]. This tensor-matrix pattern is one of the evidence of the deep connection of genetic coding with the formalisms of quantum information science.

In the DNA double helix, complementary (i.e., opposite each other) nucleotides A and T are connected by 2 hydrogen bonds, and nucleotides C and G are connected by 3 hydrogen bonds, which gives the representation $A=T=2$ and $C=G=3$. In this regard, any n-plet can be represented in the form in which each of its nucleotides is replaced by the corresponding number 2 or 3. For example, in this case, the symbolic

triplet CAT is represented as a digital triplet 322, and all matrices of symbolic n-plets on Fig. 9 become matrices of the corresponding digital n-plets [Petoukhov, 2023a,b]. It is also possible in the matrices Fig. 9 represent each symbolic triplet of hydrogen bonds as a percentage (probability) of its implementation in the n-plet representation of the DNA in question. Then the algorithmic matrices in Fig. 9 become algorithmic matrices of the probabilities of n-plet hydrogen bonds in this DNA (Fig. 11).

These matrices are matrix representations of 2-, 4- and 8-dimensional hyperbolic numbers, which is revealed by the dyadic-shift decomposition of each of them into a set of sparse matrices, closed under multiplication and defining the multiplication table of the basic elements of the corresponding algebra [Petoukhov, 2008; Petoukhov, He, 2023]. For example, Fig. 12 shows the decomposition of the (2×2) -matrix from Fig. 11 into two sparse matrices e_0 and e_1 , the set of which is closed by multiplication and defines the multiplication table of the algebra of 2-dimensional hyperbolic numbers $x+jy$, where x and y are real numbers, and j is the imaginary unit of hyperbolic numbers, satisfying the condition $j^2 = +1$. Accordingly, the matrix in question is a matrix representation of the 2-dimensional hyperbolic number $\%3 + \%2*j$.

Hyperbolic numbers are associated with Lobachevsky's hyperbolic geometry, which, according to the publications of many authors, is associated with the following: the structures of many physiological systems [Bodnar, 1992; Smolyaninov, 2000; Ghaninia et al., 2022; Zhang et al., 2023; Zhou, Sharpee, 2021; Zhou, Smith, Sharpee, 2018], relativistic sine-Gordon biosolitons [Petoukhov, 1999], the theory of automorphic Poincaré functions and noise-resistant coding [Preskill, 2016], deep neural networks for artificial intelligence (see review [Peng et al., 2022]) etc. The discovery of a connection between genetic coding and 2^n -dimensional hyperbolic numbers opens up new opportunities for understanding and modeling genetic phenomena and the mutual enrichment of genetics and these sciences. In addition, this connection allows us to set the task of DNAs certification of all genes and genomes based on these multidimensional numbers for the comparative analysis of different DNAs using vector-metric analysis.

Genetic probability matrices of n-plets in DNAs are bisymmetric and have eigenvalues, eigenvectors and characteristic polynomials. These polynomials bring algebraic genetics closer to algebraic geometry, which is one of the central branches of mathematics and focuses on polynomial functions [Petoukhov, 2023a,b].

5. Some concluding remarks

Since the philosophical works of Martin Heidegger, there has been the idea that language is smarter than us. The above and other results were obtained by the author using the language of matrix-tensor analysis, which is one of the foundations of modern mathematical natural science. Having received the first confirmation of the adequacy of this language for modeling a genetic coding system, the author began to

use its rich capabilities in a new scientific field, that is, in matrix genetics and algebraic biology, guided by the internal features of this algebraic language to obtain new and new biological results thanks to it [Petoukhov, 2008; 2023b; Petoukhov, He, 2023]. In other words, genetic structures are translated by the author into this algebraic language, ultimately obtaining completely new biological meanings and universal patterns. In particular, the universal rules of dichotomies and fractals of probabilities in information sequences of genomic DNAs presented above provide new materials for understanding the genetic basis of heritable bodily dichotomies and fractals in organisms. They allow us to think about the existence of a hidden world of binary quasi-stochastic entities, which are the progenitors of biostructures and, possibly, associated with the Bose-Einstein condensate and theories of quantum mechanical long-range connections in the living. They also expand knowledge about the fundamental significance of the ancient principle “like begets like” for different levels of biological organization, and also open new approaches for understanding and modeling genetic intelligence [Petoukhov, 2023b; Petoukhov, He, 2023].

The author is grateful to all colleagues who over the years have contributed to the development of research in genetic biomechanics and algebraic biology. The author expresses special gratitude to V.I. Svirin, whose computer programs were actively used in these studies and with whom a number of articles were co-authored.

1. 介紹

生物體被賦予了尋找食物、逃離掠食者、交配和建造（蜘蛛網、蜜蜂蜂巢、織布鳥複雜巢穴等）的先天智力。特別令人感興趣的是遺傳智能，透過它，我們了解生物體智力潛力的一部分，它允許在 DNA 和 RNA 分子中的遺傳訊息的基礎上，從一個受精細胞構建出具有數萬億個細胞的生物體。細胞。同時，在這樣一個結構化的有機體中，儘管一生中存在的強烈的噪音以及不斷變化的營養條件和外部影響，但親本特徵仍以多渠道、抗噪音的方式再現。遺傳系統的功能特徵是驚人的。例如，大腸桿菌中 DNA 鏈的複製速度（讀取「文本」）每秒超過 1000 個核苷酸 [Bank, 2022]（令人驚訝的是「遺傳自動機」的速度導致了傑出數學家 Yu. I. Manin 提出了量子電腦的開創性思想 [Manin, 1980]）。活體中的酵素的工作效率比實驗室中最好的催化劑高數百萬倍：酵素在活體中只需 1 秒就能完成的工作，實驗室中的催化劑則需要 10 萬年才能完成。在創建人工智慧系統時，人們應該考慮來自生物界的遺傳遺傳的演算法和通用結構。這篇文章專門討論了透過代數棱鏡窺視的一些結果。

在對生命的研究中，我們應該記住生命體和無生命體之間的一個關鍵區別。量子力學的創始人 P. Jordan 和 E. Schrödinger 指出：無生命的物體是由其數百萬個物體的平均隨機運動控制的。粒子和單一粒子的運動對於整體來說並不重要；相反，在活的有機體中，由於量子增強，選定的遺傳分子對整個有機體具有獨裁的影響（參見「量子生物學」的歷史 [McFadden, Al-

Khalili, 2018])。據此，要揭示生物界的秘密和專利，就必須研究 DNA 資訊學的規律。本文的目的是展示作者的此類研究結果。

遺傳學作為一門科學始於孟德爾在生物體雜交實驗中發現性狀隨機（機率）遺傳規則。生物體內的許多過程都是隨機的。由於細胞中各個分子相互作用的隨機性，即使同一組織中基因相同的細胞也具有不同程度的蛋白質表現不同的大小和結構。「小」特徵遺傳的統計本質與「大」特徵遺傳的確定性（格式塔生物學的主題）截然不同。例如，儘管手指作為一個整體在形狀和結構上是確定的（3 個指骨等），但所有人的指紋都是不同的。因此，生物現象與二元論「隨機決定論」有關，對它的研究可以導致基因型人工智慧的構建並有助於新材料的基因工程、生物醫學技術、個人遺傳學、ETC。

根據孟德爾性狀獨立遺傳定律，DNA 分子層面的訊息儘管存在強大的噪音，但仍透過許多獨立的通道決定著生命體的宏觀結構。因此，頭髮、眼睛和膚色的遺傳是相互獨立的。因此，每個生物體都是多通道抗噪音編碼機。第一篇量子生物學出版物的作者 P. Jordan 認為，科學所忽略的生物體定律是機率定律 [McFadden, Al-Khalili, 2018]。本文介紹了作者發現的高等和低等生物基因組中 DNA 隨機組織的一些普遍規則。這些結果導致了作者基於生物天線陣列的能量資訊演化學說、DNA 計算機科學與量子資訊科學形式主義之間的深層聯繫以及與代數生物相關的 $2n$ 維雙曲數代數人工智慧的方法 [Petukhov, 2022; 佩圖霍夫, 2021、2022a、b、c、2023; 佩圖霍夫, 何, 2010, 2023]。讓我們繼續展示所獲得的結果。

2. 關於生物天線陣列及其參與生物演化

高等和低等生物體的單股 DNA 基因組中的核苷酸訊息序列具有一般的統計模式，這些模式是生物進化的通用遺傳規則的候選者 [Petoukhov, 2022a; 佩圖霍夫, 他, 2023]。這些 DNA n 鏈機率規則是作者在分析遺傳資料庫 GenBank 中的多種基因組 DNA 時確定的，包括以下：1) 所有 24 條人類染色體；2) 果蠅、小鼠、蠕蟲、許多植物的所有染色體；3) 19 個細菌和古細菌基因組；4) 許多極端微生物生活在極端條件下，例如，輻射水平比人類致命水平高 1000 倍。

在分析這些普遍規則的過程中，作者注意到，在每個特定的基因組 DNA 中，對應的 $(2n \times 2n)$ n 元機率矩陣的關係是使用哈達瑪積

（Hadamard product）透過矩陣等式來描述的，類比著名的數位天線陣列張量矩陣理論 [Slyusar, 1999]，也稱為智慧天線 [Petoukhov, 2022b]。

天線陣列有數千種應用：醫療掃描技術、聲納系統、無線電中繼站、射電天文設備、航空電子設備等。科學將電腦（生物光子學）和能源的革命性變化與基於奈米天線陣列的天線陣列聯繫起來。天線陣列由許多相互匹配的獨立天線組成，每個天線發射或吸收特定頻率範圍的波（圖 1）。

天線陣列具有顯著的新興特性，因此吸引了全世界；大量文獻和許多網路網站都致力於研究它們。它們提供的波發射和接收特性遠遠超過單一天線所能達到的特性，例如：

- 1) 與單獨的天線相比， N 個單元的陣列可以將輻射的方向性和強度提高約 N 倍，並縮小發射射線；
- 2) 天線陣列是確保通訊抗噪性並在強雜訊背景下擷取微弱訊號的獨特工具；
- 3) 相控陣天線能夠進行多波束產生等操作。

考慮到天線陣列的這些新興特性和提到的代數類比，作者認為演化長期以來一直在生物體中使用這些特性。但在科學文獻中，不可能找到任何一篇出版物將生物現象與天線陣列的新興特性連結起來。為了填補這一空白，作者研究並確定了許多與生物天線陣列及其波浪活動相關的遺傳生物結構。這些材料的總體構成了基於生物天線陣列的能量資訊演化學說的內容[Petoukhov, 2022b,c; 佩圖霍夫，他，2023]。讓我們舉一些生物學的例子，回顧生物體中電振動和機械振動密切相關，因為許多組織都是壓電的，例如核酸、肌動蛋白、牙本質、肌腱、骨骼。

範例 1。複眼，昆蟲和許多其他無脊椎動物透過複眼接收視覺訊息，並作為接收電磁波的生物天線陣列（圖 2）。

範例 2。許多生物體都具有與生俱來的探礦能力，並且使用定向波輻射。例如，海豚和蝙蝠能夠利用迴聲定位來確定物體的距離、大小和形狀，類似於技術中智慧天線的能力。海豚的身體有許多水聲接收器，形成多元件寬頻接收天線系統（圖 3）。

範例 3。生物體固有的電定位能力，透過產生和接收電場來解決搜尋、評估和相互溝通的問題。在這種情況下，電感受器分佈在整個身體中，形成天線陣列的模擬（圖 4）。生物體智力活動中的迴聲定位和電定位表明生物天線陣列及其波活動是自然智力的一部分。生物智能理論的發展應基於以下知識：

天線陣列（智慧天線），以前從未與生物學和生物天線群聯繫在一起。

例 4。遺傳性光子晶體集合，例如，在蝴蝶翅膀、孔雀羽毛等上形成特定的鱗片圖案（圖 5）。現代技術使用光子晶體來控制光子束的空間分佈。它們是影響光子運動的週期性光學奈米結構，與奈米天線陣列主題相關。

範例 5：DNA、RNA、一些蛋白質以及細胞的膜和細胞骨架都是液晶，它們的集合也可以被認為是奈米生物天線陣列。此外，我們注意到一個眾所周知的事實，即分子能夠充當組織電磁能量流的天線。例如，支鏈樹枝狀聚合物分子在文章中通常被稱為天線。基於生物天線陣列的進化論使得利用智慧

天線的特性及其協調的波組來理解生物現象成為可能，例如：

1. 生物天線陣列的電磁波在壓電振動組件的參與下參與身體元件之間的能量傳輸和重新分配；

2. L.巴斯德指出，對於身體元素之間的關係，電磁波的極化類型對於生物不對稱性和分子手性的基本問題非常重要；

3. 天線陣列在強雜訊背景下提供多通道抗雜訊提取微弱訊號的獨特能力，使其能夠將身體理解為多通道抗雜訊編碼機。

關於生物天線陣列在體內能量流中的作用，我們可以回想起自古以來就存在的能量流在其中的組織作用的想法。這個想法特別與中國古代信仰有關一種特殊能量「氣」的存在有關，這種能量的循環負責健康和疾病，並決定了稱為針灸經絡的能量通道的存在。這種神秘的氣能可能與生物天線陣列的波動能有關。所描述的關於基因組隨機組織、許多遺傳生理結構和智慧天線之間類比的材料產生了這樣的想法：遺傳密碼本身是波活動和生物天線陣列自組織的結果。並且該代碼與該活動的其他可遺傳的生理後果相關。從這個角度來看，遺傳密碼的結構組織和起源的秘密不應在遺傳密碼分子元素的隨機組合中尋找，而應在生物天線陣列自組織系統的新興特性中尋找。天線的操作是基於共振機制，因此所提出的學說與作者的多共振遺傳學概念相關

[Petoukhov, 2016, 2022c]。使用電子鑰匙遠端打開車門的範例很好地說明了基於天線輻射和諧振的系統的交互，電子鑰匙的天線發送編碼電磁波。不同的機器需要不同的共振波碼。讓我們補充一點，共振相互作用使用能量最小化的基本物理原理，因為當各個部分共振地組合成一個整體時，每個元件的運行所需的能量比單獨運行時需要的能量更少。作者也指出，基因組 DNA 中所考慮的 n 組機率的普遍聯繫可以使用量子資訊科學的形式主義進行建模。在這種情況下，所描述的基因組 DNA 通用隨機系統被表示為 2 量子位元狀態的規則多層網路 [Petoukhov, 2022b]。

因此，基因組 DNA 隨機組織的普遍規則不僅與智慧天線的形式主義相關，而且與量子資訊形式主義相關。這種雙重關係是生物天線陣列系統和工程智慧天線之間的重要區別。對於基因組 DNA 機率系統中類量子特徵的代數建模，作者引入了張量酉變換的概念作為算子，在張量變換為增加維度的空間向量期間保留向量的長度 [Petoukhov, 2022c; 佩圖霍夫，他，2023]。它們是擴展隨機確定性記憶體同時保留所有先前記憶體的運算子。

3. 基因組 DNA 序列的統計規則

DNA 中的遺傳訊息以 4 個核苷酸的序列書寫：腺嘌呤 A、鳥嘌呤 G、胞嘧啶 C 和胸腺嘧啶 T（圖 6）。DNA 還包含 16 個雙聯體、64 個三聯體、256 個四聯體等字母表。

根據喬丹的說法，為了尋找生物體中缺失的機率定律，讓我們轉向研究高等和低等生物體單股 DNA 基因組資訊序列的統計模式。這些 DNA 序列的原始資料包含在公開的遺傳資料庫 GenBank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>) 中。具體而言，讓我們轉向人類第一條染色體單股 DNA 核苷酸序列統計模式的研究，該染色體包含約 2.5 億個核苷酸 (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_000001.11)。4 個核苷酸 A、G、C、T 的字母表由兩個子字母表組成：嘌呤 A 和 G，含有兩個分子環，傳統上用符號 “r” 表示，以及嘧啶 C 和 T，含有一個分子環，用符號 [r] 表示符號 [y]（圖 6）。

這條 DNA 染色體鏈可以表示為大約 2.5 億個 [r] 嘌呤和 [y] 嘧啶的二元序列，其類型為：ryyyyrrrryyr...。讓我們檢查一下它的百分比構成：- 首先，將其想像為單個字元 r-y-y-y-r-r-... 的序列，併計算其中的百分比 %r 和 %y；- 然後將其想像為雙聯體序列 ry-yy-rr-yr-... 併計算每種可能類型的嘌呤和嘧啶雙聯體 %rr、%ry、%yr、%yy 的百分比；- 然後我們類似地將相同的二元嘌呤-嘧啶 DNA 序列表示為三聯體、四聯體、五聯體.....的序列，每次計算來自嘌呤和嘧啶的相應類型的 n-plet 的百分比。結果，對於人類 1 號染色體的 DNA，我們獲得了表 1 中列出的 n 個嘌呤 [r] 和嘧啶 [y] 的百分比家族（百分比以 1 的分數給出）。

表 1. 以嘌呤 A、G 和嘧啶 C 和 T 的二元序列表示的第一條人類染色體 DNA 訊息序列中嘌呤 [r] 和嘧啶 [y] 的 n 個片段的百分比（n = 1, 2, 3, 4, 5）。百分比以 1 的分數形式給出。以嘌呤（嘧啶）開頭的多胞體以紅色（藍色）表示。文中解釋。

表中的數據表明，在所考慮的所有 n-plet 家族中，給定染色體 DNA 中意外地存在非常嚴格的模式：任何兩個 n-plet，其名稱因其中嘌呤和嘧啶的相互替換而不同 ($r \leftrightarrow y$)，其中具有幾乎相等的百分比值。例如，%ryy = 0.116037..., %yrr = 0.115959...。圖 7 以圖表的形式說明了給定染色體 DNA 的統計組織模式，每個圖表的左半部和右半部幾乎是鏡像對稱的。如果 r 和 y 分別指定為 0 和 1，則表 1 和對應圖表中每個族中 n 個元素的順序將對應於二進位陣列中成員的升序排列（圖 7）。例如，對於一個有 8 個三胞胎的家庭，我們在表 1 和圖 1 中看到。7 排序 rrr、rry、ryr、ryy、yrr、yry、yyr、yyy，即 000、001、010、011、100、101、110、111。

此外，表 1 中不同 n 的嘌呤和嘧啶的 n-plet 百分比家族之間存在意想不到的自然聯繫。它具有高精度級聯變化的形式（對於 n = 1, 2, 3, 4, 5 的研究值）：

任何 n -pleth 的百分比實際上等於兩個 $(n+1)$ -因後綴 “r” 或 “y” 的存在而與其不同的數量（等於精確到小數點後第四位或第五位）。這種現象學聯繫導致存在感興趣的分形二分樹（圖 8），其中每個節點都是其自己的分形二分樹的開始 [Petukhov, 2022; 佩圖霍夫, 2023a, b]。

繪畫。8. 比較不同 n 值的嘌呤和嘧啶的 n 組百分比以及對應的分形機率樹的圖表（右）。在每個級別，間隔長度圖與表 1 中相應 n 個樣本的百分比值成正比。相鄰級別相應間隔長度之間的分二（或學生）關係是可見的。

這些基因組 DNA 組織的統計規則（以第一條人類染色體 DNA 為例）也適用於上面研究和命名的其他高等和低等生物體的基因組。在許多方面，在將核苷酸序列表示為酮分子和氨基分子的二元序列或強氫鍵和弱氫鍵序列的情況下，也獲得了基因組單股 DNA 的類似結果 [Petoukhov, 2023]。

生物體的二分法是眾所周知的：肺的支氣管樹、神經元和植物的分支、體細胞的有絲分裂等。但在基因組 DNA 資訊學中，與身體結構相反，我們遇到了一種根本不同類型的二分法：DNA 資訊序列多層統計中百分比（機率）特徵的二分法。基因組 DNA 機率的巨大二分分形網絡是生命體和遺傳智慧生長的資訊土壤。生命體的物質二分結構並不是憑空產生的，而是在基因組資訊學的自然二元分形機率系統中具有結構原型。

基因組中普遍統計二分法的辨識使我們能夠以新的方式理解活體中的二分法現象。例如，為什麼在地球上數十億年的生命中，細菌會透過將身體分成兩半來繁殖？這種細菌繁殖的「永恆」二分現象以及所有二分組織的遺傳訊息的二分分離的最複雜過程依賴於什麼結構和能量基礎？作者給了以下答案：有一個機率家族的世界，隱藏在直接感知之外，建立在二元對立（陰陽類型）的基礎上。正是在這個多維度世界的二元機率家族的形象和相似性中，基因遺傳的生物體才得以建構出來。我們的身體就像穿上這些二元結構機率族的衣服，充當它們的原型。這讓人想起古代關於顯性世界和隱性世界的觀念，以及柏拉圖著名的關於思想世界和洞壁上的影子的寓言，生活在洞穴裡的人們可以透過寓言來判斷真正隱藏的思想世界。

4. DNA n -plet 機率的遺傳矩陣

DNA 的 4 個核苷酸的字母表是一個具有二元對立特徵的系統：

1) 其中兩個核苷酸是嘌呤（A 和 G），另外兩個（C 和 T）是嘧啶，這給出了表示 $C = T = 0$, $A = G = 1$;

2) 其中兩個核苷酸是酮分子（T 和 G），另外兩個（C 和 A）是氨基分子，這給出了表示 $C = A = 0$, $T = G = 1$ 。

因此，4 個字母、16 個雙聯體和 64 個三聯體的 DNA 字母以方表的形式呈

現，方表的列用二元指示符「嘧啶或嘌呤」編號（ $C = T = 0, A = G = 1$ ），以及帶有二元指示符「氨基或酮」的行（ $C = A = 0, T = G = 1$ ）。在此類表格中，所有字母、雙聯體和三聯體自動佔據嚴格單獨的位置（圖 9）。這 3 個表不只是表，而且形成了單一張量矩陣族 [Petukhov, 2008]。

20 個胺基酸和它們編碼的蛋白質合成終止訊號是如何位於這個演算法指定的 64 個三聯體矩陣中的？這種排列無法預測，因為胺基酸和核苷酸 A、C、G、T 的結構完全不同。用於填充整個（8*8）矩陣的氨基酸排列及其重複的選項數量是不可估量的： $>>10100$ （作為比較，在物理學中，宇宙的壽命估計為 1017 秒）。

這種胺基酸的排列會是混亂的還是會突然變得自然對稱？事實證明，大自然從可能性的海洋中選擇了這個 64 個三元組矩陣中氨基酸和停止信號的重複和排列的代數邏輯變體，如圖 1 所示。10：此矩陣由成對的相鄰行組成，胺基酸和終止密碼子的組成相同 [Petukhov, 2008; 佩圖霍夫, 他, 2023]。這種張量矩陣模式是遺傳編碼與量子資訊科學形式主義密切聯繫的證據之一。

在 DNA 雙螺旋中，互補（即彼此相對）的核苷酸 A 和 T 透過 2 個氫鍵連接，核苷酸 C 和 G 透過 3 個氫鍵連接，這給出了表示 $A = T = 2$ 和 $C = G = 3$ 。在這方面，任何 n-plet 都可以以其每個核苷酸被相應數字 2 或 3 替換的形式表示。例如，在這種情況下，符號三聯體 CAT 被表示為數字三聯體 322，並且 Rice 上的所有符號 n-plet 矩陣。9 成為相應數字 n-plet 的矩陣 [Petoukhov, 2023a,b]。在圖 2 的矩陣中也是可以的。圖 9 將氫鍵的每個符號三聯體表示為其在所討論的 DNA 的 n 元組表示中的實施的百分比（機率）。那麼演算法矩陣如圖所示。9 成為該 DNA 中 n 段氫鍵機率的演算法矩陣（圖 11）。

這些矩陣是 2、4 和 8 維雙曲數的矩陣表示，透過將它們中的每一個進行二進移位分解為一組稀疏矩陣，在乘法下閉合併定義基本元素的乘法表來揭示相應的代數 [Petukhov, 2008; 佩圖霍夫, 他, 2023]。例如，如圖。圖 12 顯示了圖 12 中的 (2*2) 矩陣的分解。將 11 分成兩個稀疏矩陣 e_0 和 e_1 ，其集合透過乘法閉合，定義了二維雙曲數 $x + jy$ 的代數乘法表，其中 x 和 y 是實數， j 是虛數單位雙曲數，滿足條件 $j^2 = +1$ 。因此，所討論的矩陣是二維雙曲數 $\%3 + \%2*j$ 的矩陣表示。

雙曲數與羅巴切夫斯基的雙曲幾何有關，根據許多作者的出版物，雙曲幾何與許多生理系統的結構有關 [Bodnar, 1992; 斯莫利亞尼諾夫, 2000; 加尼尼亞等人, 2022; 張等人, 2023; 周夏皮, 2021; Zhou, Smith, Sharpee, 2018]，相對論正弦戈登生物孤立子 [Petukhov, 1999]，自同構龐加萊函數與抗噪音編碼理論 [Preskill, 2016]，人工智慧的深度神經網路（參見綜述 [Peng 等., 2022]）等。遺傳編碼和二維雙曲數之間聯繫的發現為理解和建模遺傳現象以及

遺傳學和這些科學的相互豐富開闢了新的機會。此外，這種連接使我們能夠根據這些多維數字設定所有基因和基因組的 DNA 認證任務，以便使用向量度量分析對不同 DNA 進行比較分析。

DNA 中 n 褶的遺傳機率矩陣是雙對稱的，並且具有特徵值、特徵向量和特徵多項式。這些多項式使代數遺傳學更接近代數幾何，代數幾何是數學的中心分支之一，重點關注多項式函數 [Petoukhov, 2023a,b]。

5. 最後的一些評論

自從馬丁·海德格的哲學著作以來，人們就認為語言比我們更聰明。上述和其他結果是作者利用矩陣張量分析語言所獲得的，矩陣張量分析是現代數學科學的基礎之一。在首次確認該語言用於遺傳編碼系統建模的充分性後，作者開始在新的科學領域（即矩陣遺傳學和代數生物學）中使用其豐富的功能，並在該代數的內部特徵的指導下語言並透過它獲得新的和新的生物學結果 [Petukhov, 2008; 2023b; 佩圖霍夫，他，2023]。換句話說，作者將遺傳結構翻譯成這種代數語言，最終獲得了全新的生物學意義和普遍模式。特別是，上述基因組 DNA 資訊序列中二分法和機率分形的普遍規則，為理解生物體內可遺傳的身體二分法和分形的遺傳基礎提供了新材料。它們使我們能夠思考二元準隨機實體的隱藏世界的存在，這些實體是生物結構的祖先，並且可能與玻色-愛因斯坦凝聚體和生命中量子力學長程連接的理論有關。他們也擴展了關於「相似產生相似」這一古老原理對於不同層次的生物組織的基本意義的知識，並為理解和建模遺傳智能開闢了新的方法 [Petoukhov, 2023b; 佩圖霍夫，他，2023]。

作者感謝多年來為遺傳生物力學和代數生物學研究發展做出貢獻的所有同事。作者特別感謝 V.I. Svirin，他的電腦程式在這些研究中被積極使用，並與他共同撰寫了許多資料。

Литература

References

參考書目

Боднар О.Я. Геометрия филлотаксиса. Доклады Академии Наук Украины, №9, с.9-15, (1992).

Петухов С.В. Матричная генетика, алгебры генетического кода, помехоустойчивость. М., Регулярная и хаотическая динамика, 316 с. (2008). <http://petoukhov.com/matrix-genetics-petoukhov-2008.pdf>

Петухов С.В. Биосолиитоны. Основы солитонной биологии. М., ГП Кимрская типография, 288 с. (1999). http://petoukhov.com/?page_id=278

Петухов С.В. Генетический интеллект, доктрина энерго-информационной эволюции на основе био-антенных решеток и квантовая информатика. Биомашсистемы, т. 1, № 4, с. 169-194 (2022).

Смолянинов В.В. Пространственно-временные задачи локомоторного управления. Успехи физических наук, т. 170, № 10, с. 1063-1128 (2000).

Bank E. How Much Time Does It Take for a DNA Molecule to Replicate? - Sciencing, (8 November 2022), <https://sciencing.com/much-time-dna-molecule-replicate-21660.html>.

Ghaninia M., Zhou Y., Knauer A.C., Schiestl F.P., Sharpee T.O., Smith B.H. Hyperbolic odorant mixtures as a basis for more efficient signaling between flowering plants and bees. - *PLoS One*, 13, 17(7) (2022 Jul). e0270358. doi: 10.1371/journal.pone.0270358. PMID: 35830455; PMCID: PMC9278781.

Манин Ю.И. *Вычислимое и невычислимое*. Москва: Советское Радио (1980).

McFadden, J. and Al-Khalili, J. The origins of quantum biology. *Proceedings of the Royal Society A*, Vol. 474, Issue 2220, pp. 1-13 (2018). (<https://doi.org/10.1098/rspa.2018.0674>).

Peng W., Varanka T., Mostafa A., Shi H., Zhao G. Hyperbolic Deep Neural Networks: A Survey. - *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 44, no. 12, p. 10023-10044 (December 2022).

Petoukhov S.V. The system-resonance approach in modeling genetic structures. *Biosystems*, v. 139, p. 1-11 (2016). http://petoukhov.com/PETOUKHOV_ARTICLE_IN_BIOSYSTEMS.pdf.

Petoukhov S.V. Algebraic harmony and probabilities in genomes. Long-range coherence in quantum code biology. – *Biosystems*, Vol. 209, 104503 (2021).

Petoukhov S.V. Binary oppositions, algebraic holography, and stochastic rules in genetic informatics. *Biosystems*, vol. 221, 104760 (2022a). <https://doi.org/10.1016/j.biosystems.2022.104760>

Petoukhov S.V. The stochastic organization of genomes and the doctrine of energy-information evolution based on bio-antenna arrays. *Biosystems* (2022b), 104712, ISSN 0303-2647, <https://doi.org/10.1016/j.biosystems.2022.104712>.

Petoukhov S.V. Rules of Stochastics of Genomic DNAs, Biological Dualism “Stochastics-Determinism”, and Tensor-Unitary Transformations. – Preprints 2022, 2022080435 (2022c) (doi: 10.20944/preprints202208.0435.v1).

Petoukhov S.V. The Principle “Like Begets Like” in Molecular and Algebraic-Matrix Genetics. Preprints 2022, 2022110528 (2023a) (doi: 10.20944/preprints202211.0528.v3).

Petoukhov S.V. The principle “like begets like” in algebra-matrix genetics and code biology. *Biosystems* v. 233, 105019 (2023b). <https://doi.org/10.1016/j.biosystems.2023.105019>.

Petoukhov S.V., He M. *Symmetrical Analysis Techniques for Genetic Systems and Bioinformatics: Advanced Patterns and Applications*. IGI Global, USA (2010).

Petoukhov S.V., He M. Algebraic Biology, Matrix Genetics, and Genetic Intelligence. – Singapore, World Scientific, 2023, 616 p., <https://doi.org/10.1142/13468>.

Preskill J. Stability, topology, holography: the many facets of quantum error correction. - *Presentation at American Physical Society* (16 March 2016), <http://theory.caltech.edu/~preskill/talks/APS-March-2016-preskill.pdf>.

Slyusar V.I. New Matrix Operations for Digital Signal Processing. – *Projects: Multidimensional signal processing for digital antenna arrays. Tensor-matrix theory of Artificial Intelligence* (November 1999). DOI: 10.13140/RG.2.2.31620.76164/1

Zhang H., Rich P.D., Lee A.K., Sharpee T.O. Hippocampal spatial representations exhibit a hyperbolic geometry that expands with experience. *Nat. Neurosci.*, 26(1), p. 131-139 (Jan 2023). doi: 10.1038/s41593-022-01212-4. Epub 2022 Dec 29. PMID: 36581729.

Zhou Y., Sharpee T.O. Hyperbolic geometry of gene expression. *iScience*, vol. 24, no.3, Art. no. 102225. (2021). doi: 10.1016/j.isci.2021.102225. PMID: 33748711; PMCID: PMC7970362

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.