

Связь генетического кодирования с циклическими кодами Грея. Проблема наследования биоциклов

Петухов С.В.

Институт машиноведения им. А.А. Благонравова РАН, Москва, Россия

spetoukhov@gmail.com

Ключевые слова: генетический код; алфавиты ДНК; биологические циклы; коды Грея; матрицы; карты Карно; булевы функции; кривая Гильберта; бинарные оппозиции

Мотивация и цель: Живой организм представляет собой огромный хор генетически наследуемых и согласованных циклических процессов. Хрономедицина с древних времен считала, что все болезни являются результатом нарушения этой координации. Напомню несколько примеров циклической природы биотел. Наши белки подчиняются непрерывным циклам жизни и смерти сборки и разборки на аминокислоты. Например, период полураспада гормона инсулина составляет всего несколько минут. Другими словами, 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»* [1]. Эти циклические явления тесно взаимосвязаны с темой внутренних биологических часов, изучение молекулярно-циклических основ которых было отмечено Нобелевской премией в 2017 г.: было показано, что все многоклеточные организмы используют схожий циклический молекулярный механизм внутренних часов для контроля циркадных биоритмов.

Митоз клеток организма происходит циклически. Энергетические затраты на разные циклические события берутся из универсального циклически возобновляемого источника энергии всех биохимических процессов всех живых организмов на Земле: АТФ (аденозинтрифосфорной кислоты). Время жизни одной молекулы АТФ у человека составляет менее одной минуты. В течение суток одна молекула АТФ проходит в среднем 2000–3000 циклов ресинтеза (организм человека синтезирует около 40 кг АТФ в сутки). Другим наглядным примером циклической организации жизни является метаморфоза бабочек, состоящая из стадий бабочка-яйцо-гусеница-куколка-бабочка. Характерно, что бабочку никто не учит тому, как выйти из куколки и начать летать, но она вылезает и начинает летать за счет унаследованных циклических движений крыльев (циклическая генетическая биомеханика). Все необходимое для этого уже имеется в информатике геномного кода. Нейроны и мышечные единицы бабочки работают в соответствии с фундаментальным физиологическим законом «все или ничего», определяющим бинарный принцип их функционирования: нервная клетка или мышечное волокно дают только свои ответы «да» или «нет» под действием различных стимулов по аналогии с булевыми переменными. Эта коллективная деятельность элементов базируется на их взаимной логической координации по аналогии с триггерными ансамблями в компьютере, основанном на логике булевой алгебры. Такие факты привели автора к мысли, что система генетического кодирования способна кодировать наследственные циклические процессы потому, что 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 существует большое разнообразие циклических кодов. Целью настоящего исследования стал поиск того типа циклических кодов, который адекватен молекулярным и статистическим особенностям системы генетической информатики. Это может объяснить кодовые основы циклических процессов в живых организмах.

Методы и алгоритмы: Метод исследования основан на учете бинарно-оппозиционных молекулярных особенностей алфавита 4 нуклеотидов ДНК. Эти особенности позволяют представлять алфавитные системы ДНК в форме особых квадрантных матриц. В этих генетических матрицах строки и столбцы нумеруются упорядоченными числами n-битных кодов Грея по аналогии с картами Карно – эффективным методом упрощения выражений булевой алгебры для минимизации числа логических гейтов в логических схемах [2]. Каждой ячейке матрицы присваивается номер в виде кодового слова Грея, представляющего собой конкатенацию номеров соответствующей строки и столбца. Рисунок 1 показывает пример таких матриц для 64 триплетов генетического кода (см. подробности в [2]).

	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. 1. Расположение 64 триплетов в матрице типа Грея, строки и столбцы которой упорядочены в соответствии с 3-битным кодом Грея. В скобках указаны десятичные эквиваленты кодовых слов 6-битного кода Грея

Кроме того, при учете еще одной известной бинарной оппозиции в системе генетического кода, делящей множество 64 триплетов на два равных подмножества (32 триплета с сильными корнями и 32 триплета со слабыми корнями), генетические матрицы типа показанной на рис. 1 представляются в виде мозаичных бинарных матриц из элементов +1 и –1 (см. [2]). Эти матрицы изучаются алгоритмом их диадо-сдвиговой декомпозиции для установления их алгебро-геометрических свойств. Данными методами и алгоритмами анализируются симметрии в расположении элементов системы генетического кодирования в этих матрицах, условно называемых генетическими матрицами типа Грея. Обнаружение таких симметрий позволяет говорить о связи генетического кодирования с иерархией циклических n-битных кодов Грея.

Результаты: Как кодируемые аминокислоты и стоп-кодоны расположены в показанной матрице из 64 построенных таким образом триплетов? Количество вариантов расположения аминокислот с их повторениями для заполнения всей (8×8)-матрицы огромно: >>>10¹⁰⁰ (для сравнения, в физике время жизни Вселенной оценивается в 10¹⁷ секунд). Будет ли такое расположение хаотичным или вдруг окажется правильным симметричным? На рис. 2 показан случай митохондриального кода позвоночных, считающегося самым древним и симметричным среди диалектов генетического кода.

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

Рис. 2. Расположение 64 триплетов, а также аминокислот и стоп-кодонов, которые они кодируют, в генетической матрице типа Грея (из рис. 1) в случае митохондриального кода позвоночных. Используются общепринятые сокращения аминокислот и стоп-кодонов. Полукруглые скобки по бокам матрицы типа Грея показывают направления порядка кодовых слов 6-битного кода Грея, нумерующих 64 ячейки матрицы и 64 генетических триплета в них

Оказывается, что из океана возможностей природа выбрала симметрично-правильный вариант повторения и расположения аминокислот и стоп-кодонов в матрице типа Грея для 64 триплетов. Показанная матрица кодируемых аминокислот и стоп-кодонов состоит из пар соседних строк с десятичными числами 0-1, 2-3, 4-5, 6-7, одинаковых по составу и расположению 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. Строки в каждой из указанных пар 0-1, 2-3, 4-5, 6-7, имеющих в себе повторение аминокислот и стоп-кодонов, отличаются тем, что последовательность 6-битных кодовых слов Грея 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 второй строки – справа налево.

Каждый тип аминокислот в матрице типа Грея (см. рис. 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 и т. д. Обнаружено множество других взаимосвязей между кодами Грея и системой генетического кода [2].

Ячейки на картах Карно известны как минтермы, а каждое значение ячейки представляет соответствующее выходное значение логической функции. Эти аналогии между описанными генетическими матрицами типа Грея, имеющими регулярную структурную симметрию, и картами Карно открывают интересные возможности для интерпретации генетических n -плетов как соответствующих выходных значений булевых функций в рамках авторской концепции наследуемой логики генетического интеллекта. Эти исследования связи между системой генетического кодирования и циклическими кодами Грея сопряжены с мыслями основоположника математической логики Г. Буля и его знаменитой книгой «Исследование законов мышления, на которых основаны математические теории логики и вероятности» [3]. Можно добавить, что разработчики цифровой логики широко используют коды Грея для передачи многобитной счетчиковой информации в системах с синхронной логикой, работающих на разных тактовых частотах. В таких случаях считается, что логика работает в разных «регионах часов». Это имеет основополагающее значение для проектирования больших микросхем, работающих на разных тактовых частотах [2].

Коды Грея тесно связаны с фрактальной кривой Гильберта, которая позволяет «дискретизировать» любое пространство, создав в нем удобную систему координат. Это имеет отношение к проблеме того, как генетическая информация, записанная на одномерных нитях ДНК, определяет трехмерную морфологию живых тел [2]. Важно, что пространственная упаковка хроматина в геноме оказывается соответствующей кривой Гильберта, представляющей собой его полимерную фрактальную 3D глобулу [4], свободную от узлов и вынесенную на обложку журнала *Science* (2009, т. 326).

Диадо-сдвиговая декомпозиция упомянутых выше мозаичных генетических матриц с компонентами $+1$ и -1 обнаруживает, что они являются матричными представлениями гиперкомплексных чисел, связанных со сплит-кватернионами Кокла и дисковой конформной моделью Пуанкаре гиперболической геометрии Лобачевского, имеющей обширные применения в системах искусственного интеллекта [2].

Выводы: Система генетического кодирования структурно связана с иерархией циклических кодов Грея, фрактальной кривой Гильберта, гиперкомплексными числами и геометрией Лобачевского. Эти факты свидетельствуют в пользу того, что она является системой циклического кодирования, определяющей многое в наследовании огромного хора циклических процессов и структур в живых телах. Присущие системе генетического кодирования симметрии обнаруживаются при ее представлении в форме генетических матриц типа Грея, аналогичных картам Карно из теории булевых функций математической логики. Это позволяет интерпретировать генетические n -плеты как выходные значения булевых функций в теме логико-математических основ генетического наследования, а также возвращает к мыслям Дж. Буля в его книге о логико-математических законах мышления [3]. Полученные результаты позволяют развивать новые модельные подходы в сфере алгебраической биологии, генетики, а также генетического и искусственного интеллекта [2, 5].

Relationship between genetic coding and cyclic Gray codes.

The problem of inheritance of biocycles

Petoukhov S.V.

Mechanical Engineering Research Institute named after A.A. Blagonravov, RAS, Moscow, Russia
spetoukhov@gmail.com

Key words: genetic code; DNA alphabets; biological cycles; Gray codes; matrices; Karnaugh maps; Boolean functions; Hilbert curve; binary oppositions

Motivation and Aim: A living organism is a huge chorus of genetically inherited and coordinated cyclic processes, the mutual coordination of which is maintained throughout ontogenesis. Since ancient times, chronomedicine has believed that all diseases are the result of a violation of this coordination. Let me remind some examples on cyclic nature of bio-bodies. Our proteins are obeyed to continuous life-death cycles of their assembling and disassembling into amino acids. For example, the half-life of the hormone insulin is only a few minutes. In other words, genetically inherited parts of our body are constantly dying and being reborn in a cyclical manner. Considering such phenomena, the renowned physiologist A.G. Gurvich claimed: “*The main problem in biology is maintaining shape while constantly renewing the substrate*” [1]. These cyclic phenomena is closely interrelated with the topic of internal biological clock, studying of molecular cyclic bases of which was awarded by Nobel prize in 2017: it was shown that all multicellular organisms, including humans, utilize a similar cyclic molecular mechanism of the internal clock to control circadian biorhythms. Somatic cells of the body divide cyclically. The energy costs for these cyclic events are taken from the universal source of energy for all biochemical processes of all living organisms on Earth: ATP (adenosine triphosphoric acid). The lifetime of one ATP molecule in humans is less than one minute. During the day, one ATP molecule goes through an average of 2000–3000 cycles of resynthesis (the human body synthesizes about 40 kg of ATP per day). Another illustrative example of cyclic organization in life is the metamorphosis of butterflies, consisting of the stages butterfly-egg-caterpillar-pupa-butterfly.

The neurons and muscle units of the butterfly work in accordance with the fundamental physiological law of all-or-none, which determines the binary principle of their functioning: a nerve cell or a muscle fiber give only their answers “yes” or “no” under the action of different stimulus by analogy with the Boolean variables. The collective activity of those elements is based on their mutual logical coordination by analogy with the coordination of trigger ensembles in a computer based on Boolean algebra logic. Such facts led the author to the idea that the genetic coding system is capable of encoding inherited cyclic processes because it itself is a system of cyclic codes connected with Boolean algebra of logic. In other words, the physiological processes in question are cyclical because they are genetically encoded by cyclic codes. But in modern mathematics there is a wide variety of types of cyclic codes. The aim of the present study is to search for the those type of cyclic codes that is adequate to the molecular and statistical features of the genetic informatics system. This can explain coded bases of cyclic processes in living bodies.

Methods and Algorithms: The research method is based on taking into account the binary oppositional molecular features of the 4 nucleotides of DNA alphabet. These features

make it possible to represent DNA alphabetic systems in the form of special quadrant matrices. In these genetic matrices, the rows and columns are numbered by ordered numbers of n-bit Gray codes, similar to Karnaugh maps, an effective method for simplifying Boolean algebra expressions to minimize the number of logic gates in logic circuits [2]. Each cell of the matrix is assigned a number in the form of a Gray code word, which is a concatenation of the numbers of the corresponding row and column. Figure 1 shows an example of such matrices for 64 triplets of the genetic code (see details in [2]).

	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)

Fig. 1. The arrangement of 64 triplets in the Gray-type matrix whose rows and columns are ordered in accordance with 3-bit Gray code. The decimal equivalents of codewords of 6-bit Gray code are indicated in parentheses

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

Fig. 2. The location of 64 triplets and the amino acids and stop-codons they encode in the Gray-type matrix (from Fig. 1) in the case of the Vertebrate Mitochondrial Code. Common abbreviations for amino acids and stop codons are used. Semicircular brackets on the sides of the Gray-type matrix show the directions of the codewords order of the 6-bit Gray code, which numerates 64 matrix cells and their 64 triplets

In addition, taking into account another well-known binary opposition in the genetic code system, dividing the set of 64 triplets into two equal subsets (32 triplets with strong roots and 32 triplets with weak roots), genetic matrices of the type shown in Figure are represented in the form of mosaic binary matrices of elements +1 and -1 (see [2]). These matrices are studied by their dyadic-shift decomposition algorithm to establish their algebraic-geometric properties. These methods and algorithms analyze symmetries in the arrangement of elements of the genetic coding system in these matrices, conventionally called Gray-type genetic matrices. The discovery of such symmetries allows us to talk about the connection between genetic coding and the hierarchy of cyclic n-bit Gray codes.

Results: How are the encoded amino acids and stop codons arranged in the shown matrix of 64 triplets constructed in this way? The number of options for the arrangement of amino acids with their repetitions to fill the entire (8×8) matrix is huge: $>>10^{100}$ (for comparison, in physics the lifetime of the Universe is estimated at 10^{17} seconds). Will this arrangement be chaotic or will it suddenly turn out to be correctly symmetrical? Figure 2 shows the case of the Vertebrate Mitochondrial Code, which is considered the most ancient and symmetrical among the genetic code dialects.

It turns out that from the ocean of possibilities, nature chose a symmetrically regular variant of the repetition and arrangement of amino acids and stop-codons in the Gray-type matrix of 64 triplets. The shown matrix of encoded amino acids and stop-codons consists of pairs of adjacent rows with decimal numbers 0-1, 2-3, 4-5, 6-7, identical in composition and arrangement of amino acids and stop-codons, shown in color. For example, lines 0 and 1 contain the same set of red amino acids Pro, Gln, His, Asn, Lys, Thr in composition and location. The lines in each of the indicated pairs 0-1, 2-3, 4-5, 6-7, having the repetition of amino acids and stop-codons in them, differ in that the sequence of 6-bit numbers of their 16 cells forms a cyclic sequence with unit Hamming distance between adjacent cells, if you read the binary Gray numbers of the cells in the first of the two rows from left to right, and the cell numbers of the second row reversely from right to left. Each type of amino acids in the Gray-type matrix (Fig. 2) is grouped in such a way that it occupies only those cells whose 6-bit numbering forms a cyclic sequence with a unit Hamming distance between adjacent codewords. For example, the amino acid Pro is located in cells numbered 000000, 000001, 001001, 001000; and so on. Many other interconnections between Gray codes and the genetic code system are additionally discovered.

Cells in Karnaugh maps are known as minterms, while each cell value represents the corresponding output value of the Boolean function. These analogies between the described genetic Gray-type matrices, having regular structural symmetries, and Karnaugh maps open interesting opportunities to interpret genetic n-plets (duplets, triplets, etc.) as appropriate output values of Boolean functions within the framework of the author's concept of inherited logic of genetic intelligence. This corresponds in some degree to the thoughts of the founder of mathematical logic, G. Boole in his famous book on mathematical-logical bases of thoughts [3]. One can add that digital logic designers widely use Gray codes to transfer multi-bit counter information in systems with synchronous logic that operate at different clock frequencies. In such cases, logic is considered to operate in different “clock regions”. This is fundamental to the design of large chips that operate at many different clock speeds (see detail in [2]).

Gray codes are closely related to the fractal Hilbert curve, which allows you to “discretize” any space, creating a convenient coordinate system in it. This relates to the

problem of how genetic information recorded on one-dimensional DNA strands determines the three-dimensional morphology of living bodies [2]. It is important that the spatial packaging of chromatin in the genome turns out to correspond to the Hilbert curve, which is its polymer fractal 3D globule [4], free of nodes and featured on the cover of the journal *Science* (2009, Vol. 326).

Dyadic-shift decomposition of the above-mentioned mosaic genetic matrices with entries +1 and −1 reveals that they are matrix representations of hypercomplex numbers associated with Cockle split-quaternions and the disk conformal Poincaré model of Lobachevsky hyperbolic geometry, which has extensive applications in artificial intelligence systems [2].

Conclusion: The genetic coding system is structurally related to the hierarchy of cyclic Gray codes, the fractal Hilbert curve, hypercomplex numbers and Lobachevsky geometry. These facts indicate that it is a cyclic character of coding system that determines much of the inheritance of a huge chorus of cyclic processes and structures in living bodies. The symmetries inherent in the genetic coding system are revealed when it is represented in the form of genetic Gray-type matrices, similar to Karnaugh maps from the theory of Boolean functions of mathematical logic. This allows us to interpret genetic n-plets as output values of Boolean functions in the topic of logical-mathematical foundations of genetic inheritance, and also returns to the thoughts of J. Boole in his book on logical-mathematical laws of thinking [3]. The results obtained allow the development of new model approaches in the field of algebraic biology, genetics, as well as genetic and artificial intelligence [2, 5].

Список литературы/References

1. Gurvich A.G. Selected works. Moscow: Medicine, 1977
2. Petoukhov S. Cyclic Gray Codes in Modeling Inherited Cyclic Biostructures and Analysis of Statistical Rules of Genomic DNAs. *Preprints*. 2024;2024020713. doi 10.20944/preprints202402.0713.v1
3. Boole G. An Investigation of the Laws of Thought on Which are Founded the Mathematical Theories of Logic and Probabilities. Cambridge University Press, 2009
4. Lieberman-Aiden E., van Berkum N.L., Williams L. et al. Comprehensive mapping of long range interactions reveals folding principles of the human genome. *Science*. 2009;326:289-293
5. Petoukhov S.V., He M. Algebraic biology, matrix genetics, and genetic intelligence. Singapore: World Scientific, 2023. doi 10.1142/13468