

А.П. Стахов, С.Х. Арансон, И.В. Хантон

## ЗОЛОТАЯ ФИБОНАЧЧИЕВА ГОНИОМЕТРИЯ, РЕЗОНАНСНАЯ СТРУКТУРА ГЕНЕТИЧЕСКОГО КОДА ДНК, ПРЕОБРАЗОВАНИЯ ФИБОНАЧЧИ-ЛОРЕНЦА И ДРУГИЕ ПРИЛОЖЕНИЯ

### Часть II. Резонансная структура генетического кода ДНК

#### Аннотация

Статья посвящена взаимосвязи между фибоначчиевой гониометрией, резонансной структурой генетического кода ДНК и преобразованиями Фибоначчи-Лоренца. Основой этой взаимосвязи является «золотая пропорция» (или «золотое сечение») - древнейшая научная парадигма о гармонии и красоте.

Рассматриваются также другие приложения чисел Фибоначчи, золотой пропорции и золотой фибоначчиевой гониометрии, в частности, новая геометрическая теория филлотаксиса Боднара, «золотые» геноматрицы Петухова и новая интерпретация периодической системы Менделеева.

Статья представлена в 4-х частях. Часть 2 посвящена математическому анализу резонансной структуры генетического кода – важному открытию в области генетического кода, сделанном в 1990 г. французским исследователем Jean-Claude Perez.

### 3. Закон Jean-Claude Perez

#### 3.1. Предварительные сведения о генетическом коде ДНК

Одним из важнейших достижений 20-го столетия является открытие в 1953 году Френсисом Криком ( F.H. Crick) и Джеймсом Уотсоном ( J.D. Watson) структуры *двойной спирали* ДНК (термин ДНК расшифровывается как *дезоксирибонуклеиновая кислота*) [10].

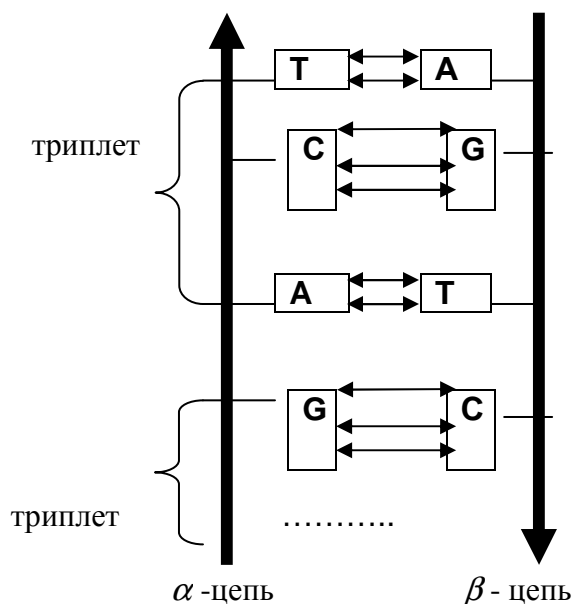
Как известно [11]-[13], сущность проблемы *генетического кода* – это познание того, какие именно сочетания и по скольким *нуклеотидам* (или *основаниям*) приводят к кодированию соответствующей аминокислоты (из 20 возможных) в структуре белка.

Единица кода, передающая при синтезе белка сведения об одной данной аминокислоте получила название *триплета* (или *кодона* ). Каждый триплет состоит из трёх нуклеотидов из четырёх возможных типов нуклеотидов: *тимина* – **T**, *аденина* – **A**, *цитозина* – **C**, *гуанина* – **G**. Хранителем триплетов является ДНК- единая *двойная спираль*, представляющая молекулу, состоящую из двух связанных противоположно ориентированных параллельных цепей, спирально закрученных вокруг общей оси (одна из них называется *α-цепью* , а другая –*β- цепью*).<sup>1</sup>

При этом для двух цепей ДНК выполняется условие *комплементарности*: против нуклеотида **A** в одной цепи стоит нуклеотид **T** в другой цепи и наоборот, а против нуклеотида **C** в одной цепи стоит нуклеотид **G** в другой цепи и наоборот. Кроме того, каждая противоположная пара **A-T** связана двумя водородными связями, а каждая противоположная пара **C-G**-тремя водородными связями ( рис. 1).

---

<sup>1</sup> Каждый такой виток закручивается на  $36^\circ$ , то есть на  $\pi/5$  [11].[12] . Отметим, что такая закрутка связана с золотым сечением  $\tau$  по формуле :  $2\cos(\pi/5) = \tau$  .



**Рисунок 1.** Комплементарная структура генетического кода

Структура ДНК дала ключ к механизму точного воспроизведения (*редупликации*) генного вещества [14]. Так возникла новая наука - *молекулярная биология*. Была сформулирована так называемая *центральная догма молекулярной биологии*: ДНК  $\Rightarrow$  РНК  $\Rightarrow$  белок.

Смысл её состоит в том, что генетическая информация, записанная в ДНК, реализуется в виде белков, но не непосредственно, а через посредство родственного полимера – *рибонуклеиновую кислоту* (РНК), и этот путь от нуклеиновых кислот к белкам необратим.

Отличие РНК от ДНК состоит в том, что РНК состоит из одной цепи, при этом вместо нуклеотида **Т** (тимина), присутствующего в ДНК, в молекуле РНК образуется близкий по химическому составу нуклеотид **У** (*урацил*), а остальные нуклеотиды **А** (*аденин*), **С** (*цитозин*), **Г** (*гуанин*) остаются прежними.

Хотя на ДНК различных живых организмов записаны разные сообщения, все они записаны с использованием одного и того же генетического кода – у всех организмов каждому триплету оснований на ДНК соответствует одна и та же аминокислота в образовавшемся белке.

Это сходство всех живых организмов наиболее весомое доказательство того, что человек и другие живые организмы произошли от одного биохимического предка (подробнее см. [11]- [15]).

### **3.2. Фибоначчиевые резонансы генетического кода (SUPRA-код ДНК). Закон Jean-Claude Perez**

В 1990 г. французский исследователь Jean-Claude Perez, работавший в тот период научным сотрудником фирмы IBM, сделал весьма неожиданное открытие в области генетического кодирования.

Он открыл математический закон, управляющий самоорганизацией нуклеотидов типа **Т**, **А**, **С**, **Г** внутри ДНК. Он обнаружил, что последовательные множества нуклеотидов ДНК организованы в структуры дальнего порядка, называемые *резонансами*.

*Резонансы* представляют собой множество, состоящее из троек соседних чисел Фибоначчи  $F_s - F_{s-1} - F_{s-2}$  ( $s \geq 2$ ), называемыми *особыми пропорциями* и обеспечивающими разделение ДНК в соответствии с этими тройками.

Ключевая идея открытия Jean-Claude Perez, названного *ДНК SUPRA- кодом*, состоит в следующем. Рассмотрим какой-нибудь отрезок  $[a,b]$  генетического кода, например её  $\beta$  – цепи, состоящий из нуклеотидов типа **T, A, C, G**, и пусть длина  $n$  этого отрезка равна числу Фибоначчи  $F_s$  с номером  $s \geq 2$ , например,  $n = F_s = 89$ , где  $s = 11$  номер этого числа Фибоначчи.<sup>2</sup>

Обозначим через  $T, A, C, G$  частоту появления на отрезке  $[a,b]$  типов нуклеотидов **T, A, C, G**. Поскольку под длиной  $n$  отрезка  $[a,b]$  генетического кода всегда понимается число нуклеотидов на этом отрезке, то получаем соотношение:  $n = F_s = 89 = T + A + C + G$ . Рассмотрим далее тройку соседних чисел Фибоначчи  $n = F_s = 89, m = F_{s-1} = 55, p = F_{s-2} = 34$ .

Если окажется, что среди частот  $T, A, C, G$  найдётся такая из них, например, это будет частота  $T$ , для которой выполняется условие  $p = F_{s-2} = 34 = T$ , то в данном случае  $m = F_{s-1} = 55 = A + C + G$ .

Тогда, согласно терминологии Jean-Claude Perez, вышеуказанный отрезок  $[a,b]$  генетического кода длины  $n = F_s = 89$  образует резонанс

$$F_s - F_{s-1} - F_{s-2} = 89 - 55 - 34 = (T + A + C + G) - (A + C + G) - (T),$$

а сами такие отрезки  $[a,b]$  называются *фибоначчиевыми*.

Отметим, что в силу свойства *комплементарности*  $(\mathbf{T,A,C,G}) \Leftrightarrow (\mathbf{A,T,G,C})$ ,<sup>3</sup> если рассмотреть в данной ситуации  $\alpha$ -цепь, то на этой цепи также выделится *комплементарный* отрезок  $[a', b']$  длины  $n = F_s = 89 = A + T + G + C$  такой, что

$$F_s - F_{s-1} - F_{s-2} = 89 - 55 - 34 = (A + T + G + C) - (T + G + C) - (A).$$

Поэтому свойство отрезков быть *фибоначчиевыми инвариантно* относительно выбора  $\alpha$ - или  $\beta$  – цепи генетического кода ДНК, то есть выполняется для всей молекулы ДНК.

Открытие Jean-Claude Perez состоит в том, что многие ДНК обладают тем свойством, что большинство их отрезков  $[a,b]$  *фибоначчиевой* длины  $n = F_s$  ( $s \geq 2$ ) являются *фибоначчиевыми отрезками*, то есть образуют резонансы  $F_s - F_{s-1} - F_{s-2}$ .

Если произвести систематическое исследование всех возможных «*фибоначчиевых*» отрезков длины  $n = F_s$  ( $s \geq 2$ ) генетического кода, тогда получим некоторое множество *резонансов*  $F_s - F_{s-1} - F_{s-2}$ , называемое *SUPRA-кодом ДНК*.

Полученный SUPRA-код ДНК *не зависит*, в силу свойства комплементарности, от выбора либо  $\alpha$  – цепи, либо  $\beta$  – цепи двухцепочной молекулы ДНК и справедлив также для одноцепочной молекулы РНК.

Начиная с 1990 г., указанная закономерность была многократно проверена и подтверждена многими выдающимися биологами, в частности профессорами Montagnier и Chermann, исследовавших одноцепочные молекулы вируса СПИДа.

Проверку Закона Jean-Claude Perez проиллюстрируем на примере  $\beta$ -цепи молекулы инсулина (см.рис.2).

**ATG - TTG- GTC- AAT- CAG- CAC- CTT –TGT- GGT- TCT- CAC –CTC- GTT-  
GAA- GCT- TTG- TAC- CTT- GTT- TGC- GGT- GAA- CGT- GGT- TTC- TTC- TAC-  
ACT- CCT- AAG- ACT**

**Рисунок 2.** Генетический код  $\beta$ -цепи инсулина

<sup>2</sup> Если  $n = F_s$ , где  $F_s$  – число Фибоначчи с номером  $s \geq 2$ , то из формулы Бине (1.3) следует, что  $s = \text{Round} \left[ \frac{\ln[n\sqrt{5}]}{\ln[\tau]} \right]$ , где  $\tau$  – золотое сечение,  $\text{Round} [x]$  – целое число, ближайшее к вещественному числу  $x$ .

<sup>3</sup> В силу свойства комплементарности, против нуклеотидов **T, A, C, G** в  $\beta$ -цепи молекулы ДНК стоят нуклеотиды **A, T, G, C** в  $\alpha$ -цепи этой молекулы

Согласно вышесказанному, для нахождения SUPRA-кода  $\beta$ -цепи молекулы инсулина нужно придерживаться следующей стратегии.

1. Определить длину  $N$  молекулы ДНК.

В данном случае эта длина равна  $N=93$  (число всех нуклеотидов в  $\beta$ -цепи молекулы инсулина).

2. Выписать все возможные тройки соседних чисел Фибоначчи  $F_s - F_{s-1} - F_{s-2}$ , которые могли бы служить резонансами для данной молекулы ДНК

Для отрезков  $\beta$ -цепи молекулы инсулина *фибоначчиевой* длины  $n=F_s$  ( $s \geq 2$ ) такими возможными тройками чисел Фибоначчи  $F_s - F_{s-1} - F_{s-2}$  ( $s \geq 2$ ) являются следующие:

1-1-0, 2-1-1, 3-2-1, 5-3-2, 8-5-3, 13-8-5, 21-13-8, 34-21-13, 55-34-21, 89-55-34.

3. Оставить среди этих троек чисел Фибоначчи  $F_s - F_{s-1} - F_{s-2}$  те и только те тройки, для которых существует хотя бы один *фибоначчиевой* отрезок  $[a_k^n, b_k^n]$  длины  $n = F_s$  ( $s \geq 2$ ),

где  $k = \overline{1, N+1-n}$ <sup>4</sup>, то есть

либо  $n = F_s = T+A+C+G$ ,  $m = F_{s-1} = A+C+G$ ,  $F_{s-2} = T$ ,

либо  $n = F_s = T+A+C+G$ ,  $m = F_{s-1} = T+C+G$ ,  $F_{s-2} = A$ ,

либо  $n = F_s = T+A+C+G$ ,  $m = F_{s-1} = T+A+G$ ,  $F_{s-2} = C$ ,

либо  $n = F_s = T+A+C+G$ ,  $m = F_{s-1} = T+A+C$ ,  $F_{s-2} = G$ ,

где через  $T, A, C, G$  обозначены частоты появления нуклеотидов типа **T, A, C, G** на отрезке  $[a_k^n, b_k^n]$  длины  $n = F_s$ .

Непосредственной проверкой убеждаемся, что для  $\beta$ -цепи молекулы инсулина, то есть, в силу комплементарности, и для всей молекулы инсулина её SUPRA-код ДНК состоит из всех вышеуказанных возможных резонансов:

$$F_s - F_{s-1} - F_{s-2} \ (s = \overline{2, 11}) =$$

$$= \{1-1-0, 2-1-1, 3-2-1, 5-3-2, 8-5-3, 13-8-5, 21-13-8, 34-21-13, 55-34-21, 89-55-34\}.$$

Отметим, что при нахождении SUPRA-кода ДНК, помимо *фибоначчиевой* длины  $n=F_s$ , необходимо среди множества отрезков  $[a_k^n, b_k^n]$ , имеющих длину  $n$ , дополнительно устанавливать *фибоначчиевость* хотя бы одного из этих отрезков.

Нижеследующие три модификации закона Jean-Claude Perez, основанные на числах Фибоначчи и золотом сечении, используют лишь длины  $n$  и не требуют проверки на *фибоначчиевость* самих отрезков.

#### 4. Три модификации закона Jean-Claude Perez, основанные на числах Фибоначчи и золотом сечении

##### 4.1. Первая модификация

Рассмотрим какой-нибудь реальный двухцепочный генетический код ДНК. Здесь и в дальнейшем, если не указано специально, будем рассматривать  $\beta$ -цепь этого кода (для  $\alpha$ -цепи в силу комплементарности результаты будут аналогичными).

Основополагающая идея, которую можно извлечь из закона *Jean-Claude Perez*, состоит в том, что если рассмотреть любой *фибоначчиевой* резонанс  $F_s - F_{s-1} - F_{s-2}$  и для каждого отрезка  $[a_k^n, b_k^n]$  генетического кода (либо  $\beta$ -цепи, либо  $\alpha$ -цепи), длина которого равна  $n = F_s = T+A+C+G$ , тогда для этой длины происходит *расщепление* частот  $T, A, C, G$  по следующему принципу:

$$n = T+A+C+G = X_1 + X_2 + X_3 + X_4 = F_s, \ m = X_2 + X_3 + X_4 \cong F_{s-1}, \ p \cong X_1 \cong F_{s-2}, \quad (2.1)$$

где

$$X_1 = \max \{ T, A, C, G \}. \quad (2.2)$$

<sup>4</sup> Выражение  $\overline{p, q}$  означает множество целых чисел  $p, p+1, p+1, \dots, q$ , пополненное, если необходимо, символом  $q = +\infty$ .

Такую замену точных равенств (как в законе Jean-Claude Perez)

$$n = T + A + C + G = X_1 + X_2 + X_3 + X_4 = F_s, m = X_2 + X_3 + X_4 = F_{s-1}, p = X_1 = F_{s-2}, \quad (2.3)$$

на приближённые значения (2.1) с учётом (2.2) назовём *первой модификацией закона Jean-Claude Perez*.

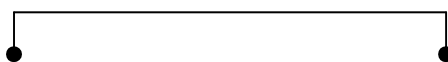
Тогда значение частоты  $X_1$ , выбранного по формуле (2.1), не зависит выбора  $\beta$ -цепи или  $\alpha$ -цепи, а зависит только от фибоначчиевых длин  $n = F_s = T + A + C + G$  и при каждом  $n$  – от выбора отрезков  $[a_k^n, b_k^n]$  ( $k=1, N+1-n$ ).

Как правило, с достаточной для практики точностью, для каждого  $n$  можно ограничиться выбором *первого отрезка*  $[a_k^n, b_k^n]$  при  $k=1$ .

Ниже в таблице 2 представлены значения  $X_1$  для первых отрезков  $[a_k^n, b_k^n]$  ( $k=1, n=F_s, s=2,11$ ) генетического кода  $\beta$ -цепи и  $\alpha$ -цепи молекулы инсулина.

**Таблица 2. Выбор частоты  $X_1$  для  $\beta$ -и  $\alpha$ -цепей молекулы инсулина.**

комплементарность



s	n=F <sub>s</sub> = T+A+C+G Фибоначчиевая длина	$\beta$ цепь				X <sub>1</sub>	F <sub>s-2</sub>	$\alpha$ -цепь				X <sub>1</sub>	F <sub>s-2</sub>
		T	A	C	G			A	T	G	C		
2	1	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0
3	2	1	1	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1
4	3	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1
5	5	3	1	0	1	3	2	3	1	0	1	3	2
6	8	4	1	0	3	4	3	4	1	0	3	4	3
7	13	5	3	2	3	5	5	5	3	2	3	5	5
8	21	7	5	5	4	7	8	7	5	5	4	7	8
9	34	12	6	9	7	12	13	12	6	9	7	12	13
10	55	21	9	13	12	21	21	21	9	13	12	21	21
11	89	34	15	21	19	34	34	34	15	21	19	34	34

Из таблицы 2 видно, что при каждом  $n=F_s$  значения частот  $X_1$ , выбранных по формуле (2.2), для обеих цепей и с *практической степенью точности* совпадают с числами Фибоначчи  $F_{s-2}$  в резонансах  $F_s - F_{s-1} - F_{s-2}$  ( $s \geq 2$ ).

#### 4.2. Вторая модификация

Распространим принцип расщепления Jean-Claude Perez не только для фибоначчиевых резонансов  $F_s - F_{s-1} - F_{s-2}$  (здесь и в дальнейшем будем называть их *главными резонансами*), но и для *средних* и *младших резонансов*, имеющих, соответственно, вид  $F_{s-1} - F_{s-2} - F_{s-3}$  и  $F_{s-2} - F_{s-3} - F_{s-4}$ . для чего необходимо брать  $s \geq 4$ . Тогда

получаем следующую бесконечную *резонансную таблицу* 3, которую обозначим через  $K_1$  и которую назовём *золотой резонансной таблицей*.

**Таблица 3. Золотая резонансная таблица  $K_1$**

$s$	Главный резонанс			Средний резонанс			Младший резонанс			$\delta = (F_{s-1})^2 - F_s F_{s-2}$
	$F_s$	$F_{s-1}$	$F_{s-2}$	$F_{s-1}$	$F_{s-2}$	$F_{s-3}$	$F_{s-2}$	$F_{s-3}$	$F_{s-4}$	
4	3	2	1	2	1	1	1	1	0	1
5	5	3	2	3	2	1	2	1	1	-1
6	8	5	3	5	3	2	3	2	1	1
7	13	8	5	8	5	3	5	3	2	-1
8	21	13	8	13	8	5	8	5	3	1
9	34	21	13	21	13	8	13	8	5	-1
10	55	34	21	34	21	13	21	13	8	1
11	89	55	34	55	34	21	34	21	13	-1
...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...

Предположим, что имеется *универсальный бесконечный генетический код*  $\overline{K}_1$ , нуклеотиды которого выделены *жирным шрифтом*

$$\overline{X}_1 \overline{X}_3 \overline{X}_1 \overline{X}_3 \overline{X}_2 \overline{X}_4 \dots \quad (2.4)$$

и основанный на *алфавите* из тех же типов нуклеотидов **T** (тимин), **A** (аденин), **C** (цитозин), **G** (гуанин), что и реальные генетические коды, и удовлетворяющий (с точностью до обозначений) принципу расщепления Jean-Claude Perez во всех трёх резонансах:

$$\left\{ \begin{array}{l} n = \overline{X}_1 + \overline{X}_2 + \overline{X}_3 + \overline{X}_4 = T + A + C + G = F_s, \\ \overline{X}_2 + \overline{X}_3 + \overline{X}_4 = F_{s-1}, \\ \overline{X}_1 = F_{s-2}, \end{array} \right. \quad (2.5)$$

$$\left\{ \begin{array}{l} \overline{X}_2 + \overline{X}_3 + \overline{X}_4 = F_{s-1}, \\ \overline{X}_3 + \overline{X}_4 = F_{s-2}, \\ \overline{X}_2 = F_{s-3}, \end{array} \right. \quad (2.6)$$

$$\left\{ \begin{array}{l} \overline{X}_3 + \overline{X}_4 = F_{s-2}, \\ \overline{X}_3 = F_{s-3}, \\ \overline{X}_4 = F_{s-4}. \end{array} \right. \quad (2.7)$$

Отсюда, в частности следует, что  $\overline{X}_3 + \overline{X}_4 = \overline{X}_1$ ,  $\overline{X}_2 = \overline{X}_3$ . Здесь через  $\overline{X}_1$ ,  $\overline{X}_2$ ,  $\overline{X}_3$ ,  $\overline{X}_4$ ,  $T$ ,  $A$ ,  $C$ ,  $G$  обозначены (*нежирным шрифтом*) частоты появления для резонансных длин  $n = F_s = \overline{X}_1 + \overline{X}_2 + \overline{X}_3 + \overline{X}_4 = T + A + C + G$  соответствующих типов нуклеотидов, обозначенных теми же буквами, но *жирным шрифтом*.

Поскольку при  $s \geq 4$  выполняются соотношения

$$F_{s-2} = \overline{X}_1 \geq F_{s-3} = \overline{X}_2 = F_{s-3} = \overline{X}_3 \geq F_{s-4} = \overline{X}_4, \quad (2.8)$$

то, следуя принципу расщепления Jean-Claude Perez, в реальных генетических кодах для резонансных длин  $n = F_s = T + A + C + G = X_1 + X_2 + X_3 + X_4$  частоты  $X_1$ ,  $X_2$ ,  $X_3$ ,  $X_4$  соответствующих нуклеотидов  $X_1$ ,  $X_2$ ,  $X_3$ ,  $X_4$  можно выбирать с помощью перестановки  $\Pi: (T, A, C, G) \rightarrow (X_1, X_2, X_3, X_4)$  вида:

$$\max \{ T, A, C, G \} = X_1 \geq X_2 \geq X_3 \geq X_4 = \min \{ T, A, C, G \}. \quad (2.9)$$

В таблице 4 представлена перестановка П:  $(T, A, C, G) \rightarrow (X_1, X_2, X_3, X_4)$  для  $\beta$ -цепи молекулы инсулина, при этом здесь и в дальнейшем, если не оговорено отдельно, для резонансных длин  $n = F_s = T + A + C + G = X_1 + X_2 + X_3 + X_4$  ( $s = 4, 11$ ) берутся первые отрезки  $[a_k^n, b_k^n]$  при  $k=1$ .

**Таблица 4. Перестановка П:  $(T, A, C, G) \rightarrow (X_1, X_2, X_3, X_4)$  для  $\beta$ -цепи молекулы инсулина**

$s$	$n = F_s =$ $T + A + C + G$ Фибоначчиевая длина	T	A	C	G	$X_1$	$X_2$	$X_3$	$X_4$
4	3	1	1	0	1	1	1	1	0
5	5	3	1	0	1	3	1	1	0
6	8	4	1	0	3	4	3	1	0
7	13	5	3	2	3	5	3	3	2
8	21	7	5	5	4	7	5	5	4
9	34	12	6	9	7	12	9	7	6
10	55	21	9	13	12	21	13	12	9
11	89	34	15	21	19	34	21	19	15

Замену частот  $\bar{X}_1 = F_{s-2}$ ,  $\bar{X}_2 = F_{s-3}$ ,  $\bar{X}_3 = F_{s-3}$ ,  $\bar{X}_4 = F_{s-4}$  ( $s \geq 4$ ) универсального генетического кода  $\bar{K}_1$ , полученных на основании формул (2.5)-(2.7) и таблицы 4, на приближённые значения частот  $X_1, X_2, X_3, X_4$  реального генетического кода, полученных на основании перестановки (2.9) для *фибоначчиевых* длин (или в другой терминологии, *резонансных длин*)  $n = F_s$ , назовём *второй модификацией закона Jean-Claude Perez*.

Для каждой фибоначчиевой длины  $n = F_s$  вычисляется величина отклонений  $\Delta_1(s)$  реальных значений частот  $X_1, X_2, X_3, X_4$  от теоретических значений частот  $\bar{X}_1, \bar{X}_2, \bar{X}_3, \bar{X}_4$ , применяемых в *методе наименьших квадратов*,

$$\Delta_1(s) = \sum_{i=1}^4 (X_i - \bar{X}_i)^2, \quad (2.10)$$

а затем для молекулы ДНК длины  $N$  находится максимум среди этих отклонений:

$$\bar{\Delta}_1 = \max \{ \Delta_1(4), \Delta_1(5), \dots, \Delta_1(s^*) \}, \quad (2.11)$$

где  $\tau$ -золотое сечение,  $s^*$ - номер числа Фибоначчи  $F_{s^*} = \frac{\tau^{s^*} - (-1)^{s^*} \tau^{-s^*}}{\sqrt{5}}$ , ближайшего к  $N$ , то есть  $F_{s^*} \leq N, F_{s^*+1} > N$ .

Для нахождения числа  $s^*$  предварительно находятся числа

$$s_0 = \text{Round} \left[ \frac{\ln(N\sqrt{5})}{\ln \tau} \right], \quad F_{s_0} = \frac{\tau^{s_0} - (-1)^{s_0} \tau^{-s_0}}{\sqrt{5}}. \quad (2.12)$$

Тогда, если  $F_{s_0} \leq N$ , то  $s^* = s_0$ , а если  $F_{s_0} > N$ , то  $s^* = s_0 - 1$ .

В частности, для  $\beta$ -цепи молекулы инсулина имеем  $N=93$ , откуда по формулам (2.12) получаем  $s_0=11$ ,  $F_{s_0}=89$ . Поскольку  $F_{s_0}=89 < N=93$ , то, в силу вышесказанного, имеем  $s^*=s_0=11$ ,  $F_{s^*}=89$ .

В таблице 5 для *фибоначчиевых (резонансных) длин*  $n=F_s$   $\beta$ -цепи молекулы инсулина представлены реальные значения частот  $X_1, X_2, X_3, X_4$ , взятых из таблицы 4, и частот  $\bar{X}_1=F_{s-2}$ ,  $\bar{X}_2=F_{s-3}$ ,  $\bar{X}_3=F_{s-3}$ ,  $\bar{X}_4=F_{s-4}$  ( $s \geq 4$ ) универсального генетического кода  $\bar{K}_1$ , а также величины  $\Delta_1(s)$ ,  $\bar{\Delta}_1$ , определяемых по формулам (2.10) -(2.12).

**Таблица 5. Реальные и теоретические значения частот  $\beta$ -цепи молекулы инсулина для *фибоначчиевых (резонансных) длин*  $n=F_s$ . Оценка отклонений.**

$s$	$n=F_s=$ $T+A+C+G$ Фибоначчиевая длина	$X_1$	$\bar{X}_1$	$X_2$	$\bar{X}_2$	$X_3$	$\bar{X}_3$	$X_4$	$\bar{X}_4$	$\Delta_1(s)$
4	3	1	1	1	1	1	1	0	0	0
5	5	3	2	1	1	1	1	0	1	2
6	8	4	3	3	2	1	2	0	1	4
7	13	5	5	3	3	3	3	2	2	0
8	21	7	8	5	5	5	5	4	3	2
9	34	12	13	9	8	7	8	6	5	4
10	55	21	21	13	13	12	13	9	8	2
11	89	34	34	21	21	19	21	15	13	8

Поскольку длина молекулы инсулина  $N=93$  и  $s^*=11$  - номер числа Фибоначчи  $F_{s^*}=F_{11}=89$ , ближайшего к длине  $N=93$ , причём  $F_{s^*} \leq N$ , то максимум среди этих отклонений равен следующей величине:

$$\bar{\Delta}_1 = \max\{0,2,4,0,2,4,2,8\} = 8. \quad (2.13)$$

Из таблицы 5 видно, что при каждом значении *фибоначчиевой длины*  $n=F_s$  ( $s=4,11$ ) реальные частоты  $X_1, X_2, X_3, X_4$  типов нуклеотидов  $\beta$ -цепи молекулы инсулина с *практической степенью точности* совпадают с теоретическими значениями частот  $\bar{X}_1=F_{s-2}$ ,  $\bar{X}_2=F_{s-3}$ ,  $\bar{X}_3=F_{s-3}$ ,  $\bar{X}_4=F_{s-4}$  универсального генетического кода  $\bar{K}_1$ .

### 4.3. Третья модификация

Распространим принцип расщепления Jean-Claude Perez не только для главных, средних и младших резонансов *бесконечного универсального генетического кода*  $\bar{K}_1$  вида (2.4), для которого для резонансных длин  $n=F_s$  ( $s \geq 4$ ) выполнялись соотношения (2.8), но и для всех промежуточных длин  $n=\overline{3,+\infty}$ , включая резонансные длины  $n=F_s$  ( $s \geq 4$ ). При этом для всех таких длин  $n=\overline{3,+\infty}$  для реальных генетических кодов сохраним правило перестановки (2.9).

По формуле Бине (1.3) имеем, что при любом целом  $s$  число Фибоначчи

$$F_s = \frac{\tau^s - (-1)^s \tau^{-s}}{\sqrt{5}}, \quad \text{где } \tau = \frac{1+\sqrt{5}}{2} \approx 1.61803 \text{ - золотое сечение. Но тогда при любом}$$

$s, k \in \{0,1,2,3,\dots\}$ ,  $0 \leq k \leq s$  числа Фибоначчи  $F_{s-k}$  можно записать в виде

$$F_{s-k} = \tau^{-k} F_s + (-1)^{s+k+1} \tau^{-s} F_k, \quad (2.14)$$



откуда, в частности, следует формула Кеплера

$$\lim_{s \rightarrow +\infty} \frac{F_s}{F_{s-1}} = \tau. \quad (2.15)$$

Поскольку  $F_0=0, F_1=1, F_2=1$ , то для первых трёх членов получаем:

$$\begin{cases} F_s = \frac{\tau^s - (-1)^s \tau^{-s}}{\sqrt{5}}, \\ F_{s-1} = \tau^{-1} F_s + (-1)^s \tau^{-s}, \\ F_{s-1} = \tau^{-2} F_s + (-1)^s \tau^{-s}. \end{cases} \quad (2.16)$$

Снова рассмотрим универсальный бесконечный генетический код  $\bar{K}_1$  вида (2.4), и для  $\bar{K}_1$  введём соотношения, включающиеся в себя (2.5) и построенные по принципу Jean-Claude Perez, аналогичному (2.5)-(2.7), но с заменой чисел Фибоначчи на числа  $\text{Round}[x]$  для специально выбранных вещественных  $x$ .

Эти соотношения, аналогичные главному, среднему и младшему резонансам, имеют вид;

$$\begin{cases} n = \bar{X}_1 + \bar{X}_2 + \bar{X}_3 + \bar{X}_4 = T + A + C + G, \\ \bar{X}_2 + \bar{X}_3 + \bar{X}_4 = \text{Round}[\tau^{-1} \times (\bar{X}_1 + \bar{X}_2 + \bar{X}_3 + \bar{X}_4)], \\ \bar{X}_1 = \text{Round}[\tau^{-2} \times (\bar{X}_1 + \bar{X}_2 + \bar{X}_3 + \bar{X}_4)], \end{cases} \quad (2.17)$$

$$\begin{cases} \bar{X}_2 + \bar{X}_3 + \bar{X}_4 = \text{Round}[\tau^{-1} \times (\bar{X}_1 + \bar{X}_2 + \bar{X}_3 + \bar{X}_4)], \\ \bar{X}_3 + \bar{X}_4 = \text{Round}[\tau^{-1} \times (\bar{X}_2 + \bar{X}_3 + \bar{X}_4)], \\ \bar{X}_2 = \text{Round}[\tau^{-2} \times (\bar{X}_2 + \bar{X}_3 + \bar{X}_4)], \end{cases} \quad (2.18)$$

$$\begin{cases} \bar{X}_3 + \bar{X}_4 = \text{Round}[\tau^{-1} \times (\bar{X}_2 + \bar{X}_3 + \bar{X}_4)], \\ \bar{X}_3 = \text{Round}[\tau^{-1} \times (\bar{X}_3 + \bar{X}_4)], \\ \bar{X}_4 = \text{Round}[\tau^{-2} \times (\bar{X}_3 + \bar{X}_4)]. \end{cases} \quad (2.19)$$

Из формул (2.17)-(2.19) следует, что если  $n = \bar{X}_1 + \bar{X}_2 + \bar{X}_3 + \bar{X}_4$  является числом Фибоначчи  $F_s$  ( $s \geq 4$ ) в полном резонансе  $F_s - F_{s-1} - F_{s-2} - F_{s-3} - F_{s-4}$ , то

$$\bar{X}_2 + \bar{X}_3 + \bar{X}_4 = F_{s-1}, \bar{X}_3 + \bar{X}_4 = \bar{X}_1 = F_{s-2}, \bar{X}_2 = \bar{X}_3 = F_{s-3}, \bar{X}_4 = F_{s-4}, \quad (2.20)$$

а если  $\bar{X}_1 + \bar{X}_2 + \bar{X}_3 + \bar{X}_4$  не является числом Фибоначчи  $F_s$  в полном резонансе  $F_s - F_{s-1} - F_{s-2} - F_{s-3} - F_{s-4}$ , то

$$\bar{X}_3 + \bar{X}_4 \approx \bar{X}_1, \bar{X}_2 \approx \bar{X}_3 \quad (2.21)$$

В таблице 6 для всех длин  $n = \bar{X}_1 + \bar{X}_2 + \bar{X}_3 + \bar{X}_4 = T + A + C + G = X_1 + X_2 + X_3 + X_4$ , где  $n = 3, 93$ , представлены следующие результаты:

1) для  $\beta$ - цепи молекулы инсулина (рис 2) выписаны реальные частоты  $T, A, C, G$  и частоты  $X_1, X_2, X_3, X_4$ , упорядоченные с помощью перестановки (2.9).

2) для универсального генетического кода  $\bar{K}_1$  вида (2.4) на основании формул (2.17)-(2.19) выписаны теоретические частоты  $\bar{X}_1, \bar{X}_2, \bar{X}_3, \bar{X}_4$ , при этом дано продолжение теоретических частот для длин  $n = \bar{X}_1 + \bar{X}_2 + \bar{X}_3 + \bar{X}_4 > 93$ , что может иметь прикладное значение для *генной инженерии* при конструировании молекул сколь угодно больших длин, основываясь на идее фибоначчиевых резонансов и на промежуточных значениях между ними;

3) упорядоченные частоты  $X_1, X_2, X_3, X_4$   $\beta$ - цепи молекулы инсулина и теоретические частоты  $\bar{X}_1, \bar{X}_2, \bar{X}_3, \bar{X}_4$  универсального генетического кода  $\bar{K}_1$ , соответствующие резонансным длинам  $n=F_s$  ( $s=4,11$ ), отмечены **жирным шрифтом**.

4) сравнение упорядоченных реальных частот  $X_1, X_2, X_3, X_4$   $\beta$ - цепи молекулы инсулина с теоретическими частотами  $\bar{X}_1, \bar{X}_2, \bar{X}_3, \bar{X}_4$  универсального генетического кода  $\bar{K}_1$  показывает их практическое совпадение, что говорит о высочайшей степени гармонии генетического кода ДНК молекулы инсулина.

**Таблица 6. Резонансные и промежуточные длины  $n=3,93$ . Реальные частоты  $T, A, C, G$  и упорядоченные частоты  $X_1, X_2, X_3, X_4$   $\beta$ -цепи молекулы инсулина. Теоретические частоты  $\bar{X}_1, \bar{X}_2, \bar{X}_3, \bar{X}_4$  универсального генетического кода  $\bar{K}_1$ .**

$n$	$T$	$A$	$C$	$G$	$X_1$	$X_2$	$X_3$	$X_4$	$\bar{X}_1$	$\bar{X}_2$	$\bar{X}_3$	$\bar{X}_4$
<b>3</b>	1	1	0	1	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>0</b>
4	2	1	0	1	2	1	1	0	2	1	1	0
<b>5</b>	3	1	0	1	<b>3</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>2</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>1</b>
6	3	1	0	2	3	2	1	0	2	2	1	1
7	3	1	0	3	3	3	1	0	3	2	1	1
<b>8</b>	4	1	0	3	<b>4</b>	<b>3</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>3</b>	<b>2</b>	<b>2</b>	<b>1</b>
9	4	1	1	3	4	3	1	1	3	2	2	2
10	4	2	1	3	4	3	2	1	4	2	2	2
11	4	3	1	3	4	3	3	1	4	3	2	2
12	5	3	1	3	5	3	3	1	5	3	2	2
<b>13</b>	5	3	2	3	<b>5</b>	<b>3</b>	<b>3</b>	<b>2</b>	<b>5</b>	<b>3</b>	<b>3</b>	<b>2</b>
14	5	4	2	3	5	4	3	2	5	3	4	2
15	5	4	2	4	5	4	4	2	6	3	4	2
16	5	4	2	4	5	4	4	3	6	4	4	2
17	5	5	3	4	5	5	4	3	6	4	4	3
18	5	5	3	4	5	5	4	4	7	4	4	3
19	5	5	4	4	5	5	5	4	7	5	4	3
20	6	5	5	4	6	5	5	4	8	5	4	3
<b>21</b>	7	5	5	4	<b>7</b>	<b>5</b>	<b>5</b>	<b>4</b>	<b>8</b>	<b>5</b>	<b>5</b>	<b>3</b>
22	8	5	5	4	8	5	5	4	8	5	6	3
23	8	5	5	5	8	5	5	5	9	5	6	3
24	9	5	5	5	9	5	5	5	9	6	6	3
25	9	5	5	6	9	6	5	5	10	6	6	3
26	9	5	5	7	9	7	5	5	10	6	6	4
27	10	5	5	7	10	7	5	5	10	6	7	4
28	11	5	5	7	11	7	5	5	11	6	7	4
29	11	5	6	7	11	7	6	5	11	7	7	4
30	12	5	6	7	12	7	6	5	11	7	7	5
31	12	5	7	7	12	7	7	6	12	7	7	5
32	12	6	7	7	12	7	7	6	12	8	7	5
33	12	6	8	7	12	8	7	6	13	8	7	5
<b>34</b>	12	6	9	7	<b>12</b>	<b>9</b>	7	6	<b>13</b>	<b>8</b>	<b>8</b>	<b>5</b>
35	13	6	9	7	13	9	7	6	13	8	9	5
36	13	6	10	7	13	10	7	6	14	8	9	5
37	13	6	10	8	13	10	8	6	14	9	9	5
38	14	6	10	8	14	10	8	6	15	9	9	5
39	15	6	10	8	15	10	8	6	15	9	9	6
40	15	6	10	9	15	10	9	6	15	10	9	6
41	15	7	10	9	15	10	9	7	16	10	9	6
42	15	8	10	9	15	10	9	8	16	10	10	6
43	15	8	10	10	15	10	10	8	16	10	11	6
44	15	8	11	10	15	11	10	8	17	10	11	6
45	16	8	11	10	16	11	10	8	17	11	11	6
46	17	8	11	10	17	11	10	8	18	11	11	6
47	18	8	11	10	18	11	10	8	18	11	11	7
48	18	8	11	11	18	11	11	8	18	11	12	7
49	19	8	11	11	19	11	11	8	19	11	12	7
50	19	9	11	11	19	11	11	9	19	12	12	7
51	19	9	12	11	19	12	11	9	19	12	12	8
52	19	9	13	11	19	13	11	9	20	12	12	8

53	20	9	13	11	20	13	11	9	20	13	12	8
54	21	9	13	11	21	13	11	9	21	13	12	8
<b>55</b>	21	9	13	12	<b>21</b>	<b>13</b>	12	9	<b>21</b>	<b>13</b>	<b>13</b>	<b>8</b>
56	22	9	13	12	22	13	12	9	21	13	14	8
57	23	9	13	12	23	13	12	9	22	13	14	8
58	24	9	13	12	24	13	12	9	22	14	14	8
59	24	9	13	13	24	13	13	9	23	14	14	8
60	24	9	14	13	24	14	13	9	23	14	14	9
61	24	9	14	14	24	14	14	9	23	15	14	9
62	24	9	14	15	24	15	14	9	24	15	14	9
63	25	9	14	15	25	15	14	9	24	15	15	9
64	25	9	14	16	25	16	14	9	24	15	15	10
65	25	10	14	16	25	16	14	10	25	15	15	10
66	25	11	14	16	25	16	14	11	25	16	15	10
67	25	11	15	16	25	16	15	11	26	16	15	10
68	25	11	15	17	25	17	15	11	26	16	16	10
69	26	11	15	17	26	17	15	11	26	16	17	10
70	26	11	15	18	26	18	15	11	27	16	17	10
71	26	11	15	19	26	19	15	11	27	17	17	10
72	27	11	15	19	27	19	15	11	28	17	17	10
73	28	11	15	19	28	19	15	11	28	17	17	11
74	29	11	15	19	29	19	15	11	28	18	17	11
75	29	11	16	19	29	19	16	11	29	18	17	11
76	30	11	16	19	30	19	16	11	29	18	18	11
77	31	11	16	19	31	19	16	11	29	18	19	11
78	31	11	17	19	31	19	17	11	30	19	19	11
79	32	11	17	19	32	19	17	11	30	19	19	11
80	32	12	17	19	32	19	17	12	31	19	19	11
81	32	12	18	19	32	19	18	12	31	19	19	12
82	32	13	18	19	32	19	18	13	31	19	20	12
83	32	13	19	19	32	19	19	13	32	19	20	12
84	33	13	19	19	33	19	19	13	32	20	20	12
85	33	13	20	19	33	20	19	13	32	20	20	13
86	33	13	21	19	33	21	19	13	33	20	20	13
87	34	13	21	19	34	21	19	13	33	21	20	13
88	34	14	21	19	34	21	19	14	34	21	20	13
<b>89</b>	34	15	21	19	<b>34</b>	<b>21</b>	<b>19</b>	<b>15</b>	<b>34</b>	<b>21</b>	<b>21</b>	<b>13</b>
90	34	15	21	20	34	21	20	15	34	21	22	13
91	34	16	21	20	34	21	20	16	35	21	22	13
92	34	16	22	20	34	22	20	16	35	22	22	13
93	35	16	22	20	35	22	20	16	36	22	22	13
94	нет	нет	нет	нет	нет	нет	нет	нет	36	22	22	14
95	нет	нет	нет	нет	нет	нет	нет	нет	36	23	22	14
96	нет	нет	нет	нет	нет	нет	нет	нет	37	23	22	14
97	нет	нет	нет	нет	нет	нет	нет	нет	37	23	23	14
98	нет	нет	нет	нет	нет	нет	нет	нет	37	23	23	15
99	нет	нет	нет	нет	нет	нет	нет	нет	38	23	23	15
100	нет	нет	нет	нет	нет	нет	нет	нет	38	24	23	15
...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...

## 5. Гармонический анализ генетических кодов на основе $\lambda$ -чисел Фибоначчи и золотых $\lambda$ -пропорций

### 5.1. Асимптотические свойства $\lambda$ -чисел Фибоначчи

Для дальнейшего гармонического (частотного) анализа реальных генетических кодов ДНК нам потребуются ряд асимптотических свойств  $\lambda$ -чисел Фибоначчи  $F_\lambda(s)$ .

Для классических чисел Фибоначчи  $F_s$ , то есть для  $\lambda$ -чисел Фибоначчи  $F_\lambda(s)$  при  $\lambda=1$ , замечательное асимптотическое свойство обнаружено ещё в 16-ом веке великим немецким астрономом и математиком Иоганном Кеплером.

Им показано, что отношение соседних чисел Фибоначчи  $F_s/F_{s-1}$  при  $s \rightarrow +\infty$  стремится к золотому сечению  $\tau$ . Соответствующая формула носит название *формулы Кеплера* (см. также соотношение (2.15)).

Выведем подобное свойство для  $\lambda$ -чисел Фибоначчи  $F_\lambda(s)$ . Для этого рассмотрим отношение соседних  $\lambda$ -чисел Фибоначчи  $F_\lambda(s)/F_\lambda(s-1)$  при  $s \rightarrow +\infty$ .

Если воспользоваться формулой Газале (1.17), то получим следующее асимптотическое свойство  $\lambda$ -чисел Фибоначчи:

$$\lim_{s \rightarrow +\infty} \frac{F_\lambda(s)}{F_\lambda(s-1)} = \tau_\lambda = \frac{\lambda + \sqrt{4 + \lambda^2}}{2} \quad (\lambda > 0), \quad (2.22)$$

где  $\tau_\lambda$  - золотая  $\lambda$ -пропорция.

Выведенное асимптотическое выражение будем называть  $\lambda$ -формулой Кеплера. Заметим, что при  $\lambda=1$  соотношение (2.22) совпадает с классической формулой Кеплера (2.15).

Рассмотрим теперь  $\lambda$ -числа Фибоначчи  $F_\lambda(s-k)$ , где  $s, k \in \{0, 1, 2, 3, \dots\}$ ,  $0 \leq k \leq s$ . Воспользовавшись формулой Газале (1.17), после несложных преобразований получим следующее выражение для  $F_\lambda(s-k)$ :

$$F_\lambda(s-k) = (\tau_\lambda)^{-k} F_\lambda(s) + \omega_\lambda^{(k)}(s), \quad \lim_{s \rightarrow +\infty} \omega_\lambda^{(k)}(s) = 0, \quad (2.23)$$

где

$$\omega_\lambda^{(k)}(s) = (-1)^{s+k+1} (\tau_\lambda)^{-s} F_\lambda(k); \quad s, k \in \{0, 1, 2, 3, \dots\}; \quad 0 \leq k \leq s. \quad (2.24)$$

Выпишем для определённости первые пять членов из (2.23). Поскольку

$$F_\lambda(0) = 0, \quad F_\lambda(1) = 1, \quad F_\lambda(2) = \lambda, \quad F_\lambda(3) = \lambda^2 + 1, \quad F_\lambda(4) = \lambda^3 + 2\lambda,$$

то, в силу (1.17), (2.23), (2.24) получаем:

$$\left\{ \begin{array}{l} F_\lambda(s) = \frac{(\tau_\lambda)^s - (-1)^s (\tau_\lambda)^{-s}}{\sqrt{4 + \lambda^2}}, \\ F_\lambda(s-1) = (\tau_\lambda)^{-1} F_\lambda(s) + (-1)^s (\tau_\lambda)^{-s}, \\ F_\lambda(s-2) = (\tau_\lambda)^{-2} F_\lambda(s) - (-1)^s (\tau_\lambda)^{-s} \lambda, \\ F_\lambda(s-3) = (\tau_\lambda)^{-3} F_\lambda(s) + (-1)^s (\lambda^2 + 1), \\ F_\lambda(s-4) = (\tau_\lambda)^{-4} F_\lambda(s) - (-1)^s (\tau_\lambda)^{-s} (\lambda^3 + 2\lambda). \end{array} \right. \quad (2.25)$$

## 5.2. Резонансные $\lambda$ -фибоначчиевые таблицы

Дальнейшая стратегия гармонического (частотного) анализа реальных генетических кодов ДНК будет состоять в том, чтобы в зависимости от значения целых чисел  $\lambda \in Z^+ = \{1, 2, 3, \dots\}$  разбить все эти коды на счётное множество непересекающихся классов  $\{\Omega_\lambda\}$  ( $\Omega_\lambda \cap \Omega_{\lambda'} = \emptyset, \lambda \neq \lambda'$ ) и в каждом классе  $\Omega_\lambda \in \{\Omega_\lambda\}$  построить бесконечную резонансную  $\lambda$ -фибоначчиеву таблицу  $K_\lambda$  из трёх троек неотрицательных целых чисел, называемых, соответственно, *главным, средним и младшим  $\lambda$ -резонансами*:

$$\left\{ \begin{array}{l} n = F_\lambda(s), \\ m = \lambda F_\lambda(s-1), \\ p = F_\lambda(s-2), \end{array} \right\} \left\{ \begin{array}{l} n_1 = \lambda F_\lambda(s-1), \\ m_1 = \lambda^2 F_\lambda(s-2), \\ p_1 = \lambda F_\lambda(s-3), \end{array} \right\} \left\{ \begin{array}{l} n_2 = \lambda^2 F_\lambda(s-2), \\ m_2 = \lambda^3 F_\lambda(s-3), \\ p_2 = \lambda^2 F_\lambda(s-4). \end{array} \right. \quad (2.26)$$

Здесь  $F_\lambda(s), F_\lambda(s-1), F_\lambda(s-2), F_\lambda(s-3), F_\lambda(s-4)$  -  $\lambda$ -числа Фибоначчи (см. формулу (1.17)),  $s \geq 4$ . Из (2.26) следует, что

$$n = m + p, \quad \left(\frac{m}{\lambda}\right)^2 - n p = (-1)^s, \quad s = \overline{4, +\infty}. \quad (2.27)$$

Числа  $n = F_\lambda(s)$  ( $s = \overline{4, +\infty}$ ), назовём  $\lambda$ -резонансными длинами,

Далее по некоторому правилу каждый реальный генетический код  $K$  будем соотносить к одному из этих классов в зависимости от того, какое у этого генетического кода  $K$  получится число  $\lambda \in \mathbb{Z}^+$ , которое назовём *показателем гармонии*. При  $\lambda=1$  получаем наилучший показатель гармонии, непосредственно связанный с золотым сечением  $\tau = \frac{1+\sqrt{5}}{2}$ .

После этого выпишем сравнительную частотную таблицу для сравнения данного реального генетического кода  $K$  с резонансной  $\lambda$ -фибоначчиевой таблицей  $K_\lambda$ . Два реальных генетических кода  $K, K'$  назовём  $\lambda$ -эквивалентными, если у них одинаковый показатель гармонии  $\lambda$  (запись:  $K \sim K'$ ), и тогда  $K, K'$  будут принадлежать к одному и тому же классу  $\Omega_\lambda$ .

Перепишем (2.26), (2.27) в более компактном виде :

$$\left\{ \begin{array}{l} n = F_\lambda(s), \\ m = \lambda F_\lambda(s-1), \\ p = n - m, \end{array} \right. \left\{ \begin{array}{l} n_1 = m, \\ m_1 = \lambda^2 p, \\ p_1 = n_1 - m_1, \end{array} \right. \left\{ \begin{array}{l} n_2 = m_1, \\ m_2 = \lambda^2 p_1, \\ p_2 = n_2 - m_2, \end{array} \right. \quad (2.28)$$

Отсюда для каждого  $s = \overline{4, +\infty}$  получаем важные соотношения:

$$\left\{ \begin{array}{l} \delta = \left(\frac{m}{\lambda}\right)^2 - n p = (-1)^s, \delta_1 = \left(\frac{m_1}{\lambda}\right)^2 - n_1 p_1 = -(-1)^s \lambda^2, \delta_2 = \left(\frac{m_2}{\lambda}\right)^2 - n_2 p_2 = (-1)^s \lambda^4, \\ m_1 = \lambda^2 p, m_2 = \lambda^2 p_1, n = m + p = p + p_1 + m_2 + p_2, n_1 = m_1 + p_1, n_2 = m_2 + p_2. \end{array} \right. \quad (2.29)$$

Для определённости, рассмотрим таблицы с номерами  $\overline{7, 9}$ , в которых представлены числовые данные для  $\lambda$ -резонансных таблиц  $K_\lambda$  ( $\lambda = \overline{2, 4}$ ), при этом  $s = \overline{4, 11}$ . Ранее в таблице 3 для  $s = \overline{4, 11}$ . представлена  $\lambda$ -резонансная таблица  $K_\lambda$  при  $\lambda=1$ , которая была названа *золотой резонансной таблицей*  $K_1$ , основанной на золотой пропорции  $\tau = 1.61803$ .

**Таблица 7.  $\lambda$ -резонансная таблица  $K_\lambda$  при  $\lambda=2$ ,  $\tau_\lambda = 2.41421$**

s	Главный резонанс			Средний резонанс			Младший резонанс			$\delta = \left(\frac{m}{\lambda}\right)^2 - n p$
	n	m	p	n <sub>1</sub>	m <sub>1</sub>	p <sub>1</sub>	n <sub>2</sub>	m <sub>2</sub>	p <sub>2</sub>	
4	12	10	2	10	8	2	8	8	0	1
5	29	24	5	24	20	4	20	16	4	-1
6	70	58	12	58	48	10	48	40	8	1
7	169	140	29	140	116	24	116	96	20	-1
8	408	338	70	338	280	58	280	232	48	1
9	985	816	169	816	676	140	676	560	116	-1
10	2378	1970	408	1970	1632	338	1632	1352	280	1
11	5741	4756	985	4756	3940	816	3940	3264	676	-1

**Таблица 8.  $\lambda$ -резонансная таблица  $K_\lambda$  при  $\lambda=3$ ,  $\tau_\lambda = 3.30278$**

	Главный резонанс			Средний резонанс			Младший резонанс			
$s$	$n$	$m$	$p$	$n_1$	$m_1$	$p_1$	$n_2$	$m_2$	$p_2$	$\delta = (\frac{m}{\lambda})^2 - n p$
4	33	30	3	30	27	3	27	27	0	1
5	109	99	10	99	90	9	90	81	9	-1
6	360	327	33	327	297	30	297	270	27	1
7	1189	1080	109	1080	981	99	981	891	90	-1
8	3927	3567	360	3567	3240	327	3240	2943	297	1
9	12970	11781	1189	11781	10701	1080	10701	9720	981	-1
10	42837	38910	3927	38910	35343	3567	35343	32103	3240	1
11	141481	128511	12970	128511	116730	11781	116730	106029	10701	-1

Таблица 9.  $\lambda$ -резонансная таблица  $K_\lambda$  при  $\lambda=4$ ,  $\tau_\lambda = 4.23607$

	Главный резонанс			Средний резонанс			Младший резонанс			
$s$	$n$	$m$	$p$	$n_1$	$m_1$	$p_1$	$n_2$	$m_2$	$p_2$	$\delta = (\frac{m}{\lambda})^2 - n p$
4	72	68	4	68	64	4	64	64	0	1
5	305	288	17	288	272	16	272	256	16	-1
6	1292	1220	72	1220	1152	68	1152	1088	64	1
7	5473	5168	305	5168	4880	288	4880	4608	272	-1
8	23184	21892	1292	21892	20672	1220	20672	19520	1152	1
9	98209	92736	5473	92736	87568	5168	87568	82688	4880	-1
10	416020	392836	23184	392836	370944	21892	370944	350272	20672	1
11	1762289	1664080	98209	1664080	1571344	92736	1571344	1483776	87568	-1

### 5.3. $\lambda$ -резонансные универсальные генетические коды $\bar{K}_\lambda$ при $\lambda > 1$

По аналогии с пунктом 4.2 предположим, что имеется  $\lambda$ - универсальный бесконечный генетический код  $\bar{K}_\lambda$  вида (2.4), удовлетворяющий (с точностью до обозначений) принципу расщепления Jean-Claude Perez в главном, среднем и младшем  $\lambda$ -резонансах, но только не при  $\lambda=1$ , а при  $\lambda > 1$ .

При  $s=2$  и  $\lambda > 1$  для отрезков генетического кода  $\bar{K}_\lambda$  их  $\lambda$ -резонансная длина  $n$ , согласно (1.14), (2.28), равна числу

$$n = F_\lambda(s=2) = \lambda > 1.$$

Поскольку  $n$ , как длина отрезка генетического кода, всегда является целым положительным числом ( $n$  равно числу нуклеотидов в этом отрезке) и  $\lambda > 1$ , то, силу вышеуказанного соотношения,  $\lambda$  является целым положительным числом, большим или равным двум, то есть  $\lambda = 2, 3, 4, \dots$ .

Поскольку при любом целом  $\lambda > 1$  для  $\lambda$ -универсальных генетических кодов  $\bar{K}_\lambda$  используются все три  $\lambda$ -резонанса (главный, средний и младший), то, согласно (2.27),  $s = 4, +\infty$ .

Следуя методике пункта 4.2, разработанной для  $\lambda=1$  (формулы (2.5)-(2.7)), для  $\lambda$ -резонансных универсальных генетических кодов  $\bar{K}_\lambda$  при  $\lambda > 1$  используем следующий аналог принципа расщепления Jean-Claude Perez во всех трёх резонансах:

$$\left\{ \begin{array}{l} n = \bar{X}_1 + \bar{X}_2 + \bar{X}_3 + \bar{X}_4 = F_\lambda(s), \\ \bar{X}_2 + \bar{X}_3 + \bar{X}_4 = \lambda F_\lambda(s-1), \\ \bar{X}_1 = F_\lambda(s-2) \end{array} \right. \quad (2.30)$$

$$\left\{ \begin{array}{l} \bar{X}_2 + \bar{X}_3 + \bar{X}_4 = \lambda F_\lambda(s-1), \\ \bar{X}_3 + \bar{X}_4 = \lambda^2 F_\lambda(s-2), \\ \bar{X}_2 = \lambda F_\lambda(s-3), \end{array} \right. \quad (2.31)$$

$$\left\{ \begin{array}{l} \bar{X}_3 + \bar{X}_4 = \lambda^2 F_\lambda(s-2), \\ \bar{X}_3 = \lambda^3 F_\lambda(s-3), \\ \bar{X}_4 = \lambda^2 F_\lambda(s-4). \end{array} \right. \quad (2.32)$$

Отсюда, в частности, следует, что  $\bar{X}_3 + \bar{X}_4 = \lambda^2 \bar{X}_3$ ,  $\lambda^2 \bar{X}_2 = \bar{X}_3$ . Так как при  $s = 4, +\infty$ ,  $\lambda > 1$  выполняются соотношения

$$\max \{T, A, C, G\} = \bar{X}_3 \geq \bar{X}_1 \geq \bar{X}_2 \geq \bar{X}_4 = \min \{T, A, C, G\}, \quad (2.33)$$

то в реальных генетических кодах для  $\lambda$ -резонансных длин  $n = T + A + C + G = X_1 + X_2 + X_3 + X_4 = \bar{X}_1 + \bar{X}_2 + \bar{X}_3 + \bar{X}_4 = F_\lambda(s)$  частоты нуклеотидов  $X_1, X_2, X_3, X_4$

можно выбирать с помощью перестановки  $\Pi_\lambda: (T, A, C, G) \rightarrow (X_1, X_2, X_3, X_4)$  вида:

$$\max \{T, A, C, G\} = X_3 \geq X_1 \geq X_2 \geq X_4 = \min \{T, A, C, G\}. \quad (2.34)$$

В таблицах  $\overline{10,12}$  для  $\lambda$ -резонансных длин  $n$  приведены соответствующие частоты  $\bar{X}_1, \bar{X}_2, \bar{X}_3, \bar{X}_4$   $\lambda$ -универсального генетического кода  $\bar{K}_\lambda$  при  $\lambda = 2, 3, 4$  и  $s = \overline{4,11}$ . При  $\lambda = 1$  соответствующие частоты  $\bar{X}_1, \bar{X}_2, \bar{X}_3, \bar{X}_4$  приведены в таблице 5.

**Таблица 10.** Частоты  $\bar{X}_1, \bar{X}_2, \bar{X}_3, \bar{X}_4$  для  $\lambda$ -резонансных длин  $n$   $\lambda$ -универсального генетического кода  $\bar{K}_\lambda$  при  $\lambda = 2, s = \overline{4,11}$ .

$s$	$n = \bar{X}_1 + \bar{X}_2 + \bar{X}_3 + \bar{X}_4 = F_\lambda(s)$	$\bar{X}_1$	$\bar{X}_2$	$\bar{X}_3$	$\bar{X}_4$
4	12	2	2	8	0
5	29	5	4	16	4
6	70	12	10	40	8
7	169	29	24	96	20
8	408	70	58	232	48
9	985	169	140	560	116
10	2378	408	338	1352	280
11	5741	985	816	3264	676

**Таблица 11.** Частоты  $\bar{X}_1, \bar{X}_2, \bar{X}_3, \bar{X}_4$  для  $\lambda$ -резонансных длин  $n$   $\lambda$ -универсального генетического кода  $\bar{K}_\lambda$  при  $\lambda = 3, s = \overline{4,11}$ .

$s$	$n = \overline{X}_1 + \overline{X}_2 + \overline{X}_3 + \overline{X}_4 = F_\lambda(s)$	$\overline{X}_1$	$\overline{X}_2$	$\overline{X}_3$	$\overline{X}_4$
4	33	3	3	27	0
5	109	10	9	81	9
6	360	33	30	270	27
7	1189	109	99	891	90
8	3927	360	327	2943	297
9	12970	1189	1080	9720	981
10	43837	3927	3567	32103	3240
11	141481	12970	11781	106029	10701

Таблица 12. Частоты  $\overline{X}_1, \overline{X}_2, \overline{X}_3, \overline{X}_4$  для  $\lambda$ -резонансных длин  $n$   $\lambda$ -универсального генетического кода  $\overline{K}_\lambda$  при  $\lambda=4, s=4,11$ .

$s$	$n = \overline{X}_1 + \overline{X}_2 + \overline{X}_3 + \overline{X}_4 = F_\lambda(s)$	$\overline{X}_1$	$\overline{X}_2$	$\overline{X}_3$	$\overline{X}_4$
4	72	4	4	64	0
5	305	17	16	256	16
6	1292	72	68	1088	64
7	5473	305	288	4608	272
8	23184	1292	1220	19520	1152
9	98209	5473	5168	82688	4880
10	416020	23184	21892	350272	20672
11	1762289	98209	92736	1483776	87568

#### 5.4. Правило нахождения показателя гармонии $\lambda$ для реальных генетических кодов при $\lambda \geq 1$

Пусть дана молекула ДНК. Рассмотрим для определённости её  $\beta$ -цепь (для  $\alpha$ -цепи результаты будут аналогичными, поскольку выполняется условие комплементарности).

Напомним, что длиной  $n$  какого-то отрезка  $[AB]$  реального генетического кода  $K$  называется суммарное число  $T+A+C+G$  типов нуклеотидов  $T, A, C, G$  в этом отрезке для  $\beta$ -цепи данной молекулы.

Обозначим через  $N$  ( $N \geq 3$ ) длину реального генетического кода  $K$  молекулы ДНК или её исследуемой части, такую, что существует отрезок  $[AB]$ , длина которого равна хотя бы одной  $\lambda$ -резонансной длине

$$n = T+A+C+G = F_\lambda(s) \quad (s \geq 4). \quad (2.35)$$

Это обеспечивает возможность сравнения для любого реального генетического кода  $K$  с помощью перестановки (2.9) при  $\lambda=1$  или перестановки (2.34) при  $\lambda>1$  с  $\lambda$ -резонансными универсальными генетическими кодами  $\overline{K}_\lambda$  на основе главного, среднего и младшего  $\lambda$ -резонансов.<sup>5</sup>

Для нахождения показателя гармонии  $\lambda \geq 1$  реального генетического кода  $K$  выполним следующие действия.

**Шаг 1.** По данной длине  $N$  ( $N \geq 3$ ) найдём все возможные значения показателя гармонии  $\lambda$ .

<sup>5</sup> При  $\lambda=1$  главный, средние и младший  $\lambda$ -резонансы приведены в соотношениях (2.5)-(2.7), а при  $\lambda>1$  - в (2.30)-(2.32).



Поскольку наименьшее допустимое значение  $\lambda$ -резонансной длины  $n = F_\lambda(s=4) = \lambda^3 + 2\lambda$ , то

$$n = \lambda^3 + 2\lambda \leq N, \quad (2.36)$$

то есть

$$\lambda^3 + 2\lambda - N \leq 0. \quad (2.37)$$

Но тогда *все возможные* значения показателя гармонии  $\lambda$ , удовлетворяющие неравенству (2.37), имеют вид

$$\lambda = \overline{1, q}, \quad (2.38)$$

где  $q = q(N)$  равно *целой части от вещественного корня*  $\lambda^*$  неполного кубического уравнения

$$\lambda^3 + 2\lambda - N = 0, \quad (2.39)$$

при этом вещественный корень  $\lambda^*$  в данном случае является единственным, поскольку два других корня этого уравнения комплексно-сопряжённые, и, более того,  $\lambda^* \geq 1$ , ибо  $N \geq 3$ .

**Таблица 13. Возможные значения показателя гармонии  $\lambda$  при  $N = \overline{3, 1019}$ .**

$N$	$\overline{3, 11}$	$\overline{12, 32}$	$\overline{33, 71}$	$\overline{72, 134}$	$\overline{135, 227}$	$\overline{228, 356}$	$\overline{357, 527}$	$\overline{528, 746}$	$\overline{747, 1019}$	...
$\lambda$	$\overline{1}$	$\overline{1, 2}$	$\overline{1, 3}$	$\overline{1, 4}$	$\overline{1, 5}$	$\overline{1, 6}$	$\overline{1, 7}$	$\overline{1, 8}$	$\overline{1, 9}$	...

Покажем, что при данной длине  $N \geq 3$  число  $q = q(N)$ , равное *целой части от вещественного корня*  $\lambda^*$  уравнения (2.39), действительно является *максимально возможным* значением показателя гармонии.

Для этого при данном  $N \geq 3$  нужно установить два свойства :

1) число  $q = q(N)$  является *возможным значением* показателя гармонии, то есть  $q$  удовлетворяет неравенству (2.37);

2) число  $q = q(N)$  является *максимально возможным* показателем гармонии, то есть  $q^* = q + 1$  не удовлетворяет неравенству (2.37).

Для этого предварительно убедимся, что при  $N \geq 3$  уравнение (2.39) имеет единственный вещественный корень, и этот корень, который мы обозначили через  $\lambda^*$ , больше или равен единице.

Поскольку *дискриминант* уравнения (2.39) равен величине

$$D = \left(\frac{2}{3}\right)^3 + \left(\frac{N}{2}\right)^2, \quad (2.40)$$

то  $D > 0$  и, следовательно, при  $N \geq 3$  уравнение (2.39) имеет единственный вещественный корень

$$\lambda^* = \sqrt[3]{\frac{N}{2} + \sqrt{D}} - \sqrt[3]{-\frac{N}{2} + \sqrt{D}}. \quad (2.41)$$

Покажем, что  $\lambda^* \geq 1$  при  $N \geq 3$ . Для этого рассмотрим функцию

$$F(\lambda) = \lambda^3 + 2\lambda - N \quad (2.42)$$

и её первую производную по  $\lambda$ , имеющую вид :

$$F'(\lambda) = 3\lambda^2 + 2. \quad (2.43)$$

Поскольку при любом вещественном  $\lambda$  производная  $F'(\lambda) \geq 2 > 0$ , то при всех  $\lambda \in (-\infty, +\infty)$  функция  $F(\lambda)$  является возрастающей.

Непосредственной проверкой уравнения (2.39) убеждаемся, что при  $N=3$   $\lambda^* = 1$ , ибо при  $N=3$   $F(\lambda^*=1) = 0$ . Покажем, что при  $N > 3$   $\lambda^* > 1$ . В силу (2.42), при  $N > 3$  получаем неравенства:

$$F(\lambda=1) = 1^3 + 2 \times 1 - N < 0, \quad F(\lambda = \sqrt[3]{N}) = (\sqrt[3]{N})^3 + 2\sqrt[3]{N} - N = 2\sqrt[3]{N} > 0. \quad (2.44)$$

Так как  $F(\lambda)$  — возрастающая функция при любом  $\lambda \in (-\infty, +\infty)$ , то есть  $F(\lambda)$  возрастает и на интервале  $1 < \lambda < \sqrt[3]{N}$ , при этом, в силу (2.44), в концевых точках этого интервала при  $N > 3$  функция  $F(\lambda)$  имеет разные знаки, то  $F(\lambda^*) = 0$  при  $1 < \lambda^* < \sqrt[3]{N}$ .

Итак мы получили, что при  $N \geq 3$  единственно существующий у уравнения (2.39) вещественный корень  $\lambda^*$  удовлетворяет условию  $\lambda^* \geq 1$ , причём  $\lambda^* = 1$  при  $N = 3$  и  $\lambda^* > 1$  при  $N > 3$ .

### Доказательство свойства 1.

Нужно показать, что при целом  $N \geq 3$  число  $q$ , равное целой части от вещественного корня  $\lambda^*$  ( $\lambda^* \geq 1$ ) уравнения (2.39), удовлетворяет неравенству (2.37), то есть является возможным значением показателя гармонии.

Поскольку через  $q$  мы обозначали целую часть числа  $\lambda^*$ , то

$$\lambda^* = q + \alpha, \quad (2.45)$$

где  $\alpha$  ( $0 \leq \alpha < 1$ ) — дробная часть числа  $\lambda^*$ .

Так как  $\lambda^* \geq 1$ , то

$$q = \lambda^* - \alpha \geq 1 - \alpha > 0. \quad (2.46)$$

Поскольку  $q > 0$  — целое число, то

$$q \geq 1. \quad (2.47)$$

Покажем, что  $q$  удовлетворяет неравенству (2.37), то есть  $F(q) \leq 0$ . Так как

$$\lambda^{*3} + 2\lambda^* - N = 0,$$

то

$$F(q) = q^3 + 2q - N = (\lambda^* - \alpha)^3 + 2(\lambda^* - \alpha) - N = \lambda^{*3} + 2\lambda^* - N - \alpha\omega = -\alpha\omega, \quad (2.48)$$

где

$$\omega = 3\lambda^*q + \alpha^2 + 2. \quad (2.49)$$

Поскольку  $\lambda^* \geq 1$ ,  $q \geq 1$ ,  $\alpha \geq 0$ , то  $\omega \geq 3 \times 1 \times 1 + 0^2 + 2 = 5$ , и, следовательно,

$$\alpha \geq 0, \quad \omega \geq 5. \quad (2.50)$$

Но тогда, в силу (2.48), (2.50), получаем  $F(q) = -\alpha\omega \leq -0 \times 5 = 0$ , то есть

$$F(q) \leq 0, \quad (2.51)$$

и, следовательно, при заданном целом  $N \geq 3$  число  $q$  является возможным значением показателя гармонии.

### Доказательство свойства 2.

Покажем, что  $q^* = q + 1$  не удовлетворяет неравенству (2.37), то есть  $F(q^*) > 0$ .

Поскольку

$$q = \lambda^* - \alpha, \quad \lambda^{*3} + 2\lambda^* - N = 0, \quad 0 \leq \alpha < 1, \quad \lambda^* \geq 1, \quad (2.52)$$

то

$$F(q^*) = F(q+1) = (q+1)^3 + 2q - N = (\lambda^{*3} + 2\lambda^* - N) + (1-\alpha) [(1-\alpha)^2 + 3\lambda^*(1-\alpha) + (3\lambda^* + 2)] > 0 \times [0^2 + 3 \times 0 + 5] = 0,$$

то есть

$$F(q+1) > 0, \quad (2.53)$$

и, следовательно, при заданном целом  $N \geq 3$  число  $q$  является максимально возможным показателем гармонии.

**Шаг 2.** Для каждого возможного значения показателя гармонии  $\lambda = \overline{1, q}$ , где  $q$  равно целой части от числа  $\lambda^* = \lambda^*(N)$ ,  $N \geq 3$ , найденного по формуле (2.41), выполним следующие действия.

1) Для каждого целого  $s = \overline{4, s^*}$ , где  $s^*$  — номер  $\lambda$ -числа Фибоначчи

$$F_{\lambda}(s^*) = \frac{(\tau_{\lambda})^{s^*} - (-1)^{s^*} (\tau_{\lambda})^{-s^*}}{\sqrt{4 + \lambda^2}}, \quad (2.54)$$

наиближайшего к  $N$ , то есть  $F_{\lambda}(s^*) \leq N$ ,  $F_{\lambda}(s^*+1) > N$ , находим  $\lambda$ -резонансную длину

$$n = F_{\lambda}(s) = \overline{F_{\lambda}(4), F_{\lambda}(s^*)}. \quad (2.55)$$

2) Для  $\lambda$ -универсального генетического кода  $\overline{K}_{\lambda}$  и  $\beta$ -цепи реального генетического кода  $K$  для каждой  $\lambda$ -резонансной длины  $n = F_{\lambda}(s)$ , удовлетворяющей условию (2.55), выбираем отрезки  $[a_k^{(n)}, b_k^{(n)}]$  при  $k=1$ , начиная с начала молекулы, такие, что длины этих отрезков равны

$$n = F_{\lambda}(s) = \overline{X}_1 + \overline{X}_2 + \overline{X}_3 + \overline{X}_4 = T + A + C + G = X_1 + X_2 + X_3 + X_4, \quad (2.56)$$

где  $\overline{X}_1, \overline{X}_2, \overline{X}_3, \overline{X}_4$  - теоретические частоты кода  $\overline{K}_{\lambda}$ ,  $X_1, X_2, X_3, X_4$  - реальные частоты кода  $K$ , упорядоченные с помощью перестановки  $\Pi_{\lambda}: (T, A, C, G) \rightarrow (X_1, X_2, X_3, X_4)$ , которая при  $\lambda=1$  имеет вид (2.9), а при  $\lambda > 1$  - вид (2.34).

3). Для каждой  $\lambda$ -резонансной длины  $n = F_{\lambda}(s)$ , где  $\lambda = \overline{1, q}$ ,  $q = q(N)$  равно целой части от вещественного корня  $\lambda^*$  уравнения (2.39) ( $\lambda^*$  имеет вид (2.41)),  $s = \overline{4, s^*}$ ,  $F_{\lambda}(s^*) \leq N$ ,  $F_{\lambda}(s^*+1) > N$ , вычислим величину отклонений  $\Delta_{\lambda}(s)$  значений частот  $X_1, X_2, X_3, X_4$  реального генетического кода  $K$  от теоретических значений частот  $\overline{X}_1, \overline{X}_2, \overline{X}_3, \overline{X}_4$   $\lambda$ -универсального генетического кода  $\overline{K}_{\lambda}$  по формуле

$$\Delta_{\lambda}(s) = \sum_{i=1}^4 (X_i - \overline{X}_i)^2, \quad (2.57)$$

а затем найдём максимум среди этих отклонений

$$\overline{\Delta}_{\lambda} = \max \{ \Delta_{\lambda}(4), \Delta_{\lambda}(5), \dots, \Delta_{\lambda}(s^*) \} \quad (2.58)$$

4) Вычислим величину

$$\overline{\Delta} = \min \{ \overline{\Delta}_1, \overline{\Delta}_2, \dots, \overline{\Delta}_q \}. \quad (2.59)$$

5) Среди чисел  $1, 2, \dots, q$  выберем то наименьшее число  $\lambda$ , которое назовём показателем гармонии реального генетического кода  $K$  и для которого выполняется следующее соотношение:

$$\overline{\Delta}_{\lambda} = \overline{\Delta}. \quad (2.60)$$

**Основной вывод.** Для каждого реального генетического кода  $K$ , длина которого  $N \geq 3$ , нахождение показателя гармонии  $\lambda$ , в силу соотношения (2.60), является единственным и, в силу условия комплементарности, не зависит от выбора  $\beta$ - или  $\alpha$ -цепи.

Поэтому множество всех реальных генетических кодов ДНК, одинаковых или разных длин  $N \geq 3$ , в зависимости от показателя гармонии  $\lambda \in \{1, 2, 3, \dots\}$  разбивается на счётное множество непересекающихся  $\lambda$ -генетических классов  $\{\Omega_{\lambda}\}$  ( $\Omega_{\lambda} \cap \Omega_{\lambda'} = \emptyset, \lambda \neq \lambda'$ ) и в каждом классе  $\Omega_{\lambda} \in \{\Omega_{\lambda}\}$  стандартным представителем, с которым сравниваются все реальные генетические коды, имеющие показатель гармонии  $\lambda$ , является  $\lambda$ -универсальный генетический код  $\overline{K}_{\lambda}$ , построенный на основе  $\lambda$ -чисел

Фибоначчи  $F_{\lambda}(s) = \frac{(\tau_{\lambda})^s - (-1)^s (\tau_{\lambda})^{-s}}{\sqrt{4 + \lambda^2}}$  и золотой  $\lambda$ -пропорции  $\tau_{\lambda} = \frac{\lambda + \sqrt{4 + \lambda^2}}{2}$ .

Частоты  $\overline{X}_1, \overline{X}_2, \overline{X}_3, \overline{X}_4$  для  $\lambda$ -резонансных длин  $n$   $\lambda$ -универсальных генетических кодов  $\overline{K}_{\lambda}$  при  $\lambda=2, 3, 4$  представлены, соответственно, в таблицах 10, 11, 12.

При  $\lambda=1$  получаем *наилучший показатель гармонии* реальных генетических кодов. *Стандартным представителем* в  $(\lambda=1)$ - генетическом классе  $\Omega_1$ , с которым сравниваются все реальные генетические коды, имеющие показатель гармонии  $\lambda=1$ , является  $(\lambda=1)$ - *универсальный генетический код*  $\bar{K}_1$ , построенный на основе чисел Фибоначчи  $F_s = \frac{\tau^s - (-1)^s \tau^{-s}}{\sqrt{5}}$  и золотой пропорции (или в другой терминологии, золотом сечении)  $\tau = \frac{1+\sqrt{5}}{2}$ .

Частоты  $\bar{X}_1, \bar{X}_2, \bar{X}_3, \bar{X}_4$  для  $(\lambda=1)$ -резонансных длин  $n$   $\lambda$ -универсального генетического кода  $\bar{K}_\lambda$  при  $\lambda=1$  представлены, в таблице 5 в сравнении с упорядоченными частотами  $X_1, X_2, X_3, X_4$   $\beta$ -цепи молекулы инсулина.

Поскольку таблица частот  $\bar{X}_1, \bar{X}_2, \bar{X}_3, \bar{X}_4$  для  $(\lambda=1)$ -резонансных длин  $n$   $\lambda$ -универсального генетического кода  $\bar{K}_\lambda$  при  $\lambda=1$  является *стандартным представителем* для всего  $(\lambda=1)$ - генетического класса  $\Omega_1$ , то оформим её в виде таблицы 14.

**Таблица 14.** Частоты  $\bar{X}_1, \bar{X}_2, \bar{X}_3, \bar{X}_4$  для  $(\lambda=1)$ -резонансных длин  $n$   $\lambda$ -универсального генетического кода  $\bar{K}_\lambda$  при  $\lambda=1, s=4,11$ .

$s$	$n = \bar{X}_1 + \bar{X}_2 + \bar{X}_3 + \bar{X}_4 = F_1(s) = F_s$	$\bar{X}_1$	$\bar{X}_2$	$\bar{X}_3$	$\bar{X}_4$
4	3	1	1	1	0
5	5	2	1	1	1
6	8	3	2	2	1
7	13	5	3	3	2
8	21	8	5	5	3
9	34	13	8	8	5
10	55	21	13	13	8
11	89	34	21	21	13

Два реальных генетических кода  $K$  и  $K'$  назовём  $\lambda$ -эквивалентными, если они имеют один и тот же показатель гармонии  $\lambda$ .

В силу вышесказанного, все  $\lambda$ -эквивалентные генетические коды принадлежат одному и тому же  $\lambda$ -генетическому классу  $\Omega_\lambda \in \{\Omega_\lambda\}$  и, следовательно, в частотном смысле, подчиняются одним и тем же законам, характеризующим степень гармонии и красоты генетических кодов, заложенную *Природой в процессе её самоорганизации* для каждого  $\lambda$ -генетического класса.

### 5.5. Вычисление показателя гармонии $\lambda$ для $\beta$ -цепи молекулы инсулина.

Продemonстрируем действенность разработанного метода нахождения показателя гармонии  $\lambda$  на примере генетического кода  $\beta$ -цепи молекулы инсулина длины  $N=93$ , изображённого на рис.2.

Ранее в пунктах 3.2, 4.1- 4.3 был проведён гармонический (частотный) анализ генетического кода  $\beta$ -цепи молекулы инсулина в предположении, что  $\lambda=1$ , то есть на

основе чисел Фибоначчи  $F_s (s = \overline{1,11})$  и золотой пропорции  $\tau = \frac{1+\sqrt{5}}{2} \approx 1.61803$ .

В таблице 5 при  $\lambda=1$  для резонансных длин  $n=F_s$  были подсчитаны величины отклонений  $\Delta_1(s) = \sum_{i=1}^4 (X_i - \bar{X}_i)^2$  реальных упорядоченных значений частот  $X_1, X_2, X_3, X_4$  генетического кода  $\beta$ -цепи молекулы инсулина от теоретических значений частот  $\bar{X}_1, \bar{X}_2, \bar{X}_3, \bar{X}_4$   $\lambda$ -универсального генетического кода  $\bar{K}_\lambda(\lambda=1)$ , заданных в таблице 14, а также для  $s=4, s^*$ , где  $s^*=11$ , вычислен максимум среди этих отклонений, который оказался равным числу  $\bar{\Delta}_1=8$ .

Покажем, что для генетического кода  $\beta$ -цепи молекулы инсулина показатель гармонии действительно равен  $\lambda=1$ , и, следовательно, для гармонического (частотного) анализа этого генетического кода применение чисел Фибоначчи  $F_s$  и золотой пропорции  $\tau$  является единственно правомочным, что согласуется со стратегией закона Jean-Claude Perez.

Для этого показатель гармонии  $\lambda$  для генетического кода  $\beta$ -цепи молекулы инсулина будем искать по правилу, изложенному в пункте 5.4.

**Шаг 1.** По данной длине  $N=93$  генетического кода  $\beta$ -цепи молекулы инсулина найдём все возможные значения показателя гармонии  $\lambda=1, q$ , где  $q$  равно целой части от вещественного корня  $\lambda^*$  уравнения (2.39), которое при  $N=93$  имеет вид

$$\lambda^3 + 2\lambda - 93 = 0. \quad (2.61)$$

В силу соотношения (2.41), при  $N=93$  вещественный корень уравнения (2.61) равен величине  $\lambda^*=4.38356$ , и, следовательно, целая часть от  $\lambda^*$  равна  $q=4$ .

Поэтому возможные значения показателя гармонии  $\lambda$  для генетического кода  $\beta$ -цепи молекулы инсулина могут быть только числами 1,2,3,4.

Для генетического кода  $\beta$ -цепи молекулы инсулина при длине  $N=93$  возможные значения показателя гармонии  $\lambda=1,2,3,4$  определяются также из таблицы 13. Действительно, так как  $72 < N=93 < 134$ , то из таблицы 13 получаем, что  $\lambda=1,2,3,4$ .

**Шаг 2.** Вычисление для  $\lambda=1,2,3,4$  максимальных отклонений  $\bar{\Delta}_1, \bar{\Delta}_2, \bar{\Delta}_3, \bar{\Delta}_4$  по формуле (2.58). Поскольку, согласно вышесказанному, для  $\lambda=1$  имеем  $\bar{\Delta}_1=8$ , то для генетического кода  $\beta$ -цепи молекулы инсулина при длине  $N=93$  осталось вычислить по формуле (2.58) максимальные отклонения  $\bar{\Delta}_2, \bar{\Delta}_3, \bar{\Delta}_4$  для  $\lambda=2,3,4$ .

Сведём все вычисления в единую таблицу 15, включив в неё, для полноты изложения, не только  $\lambda=2,3,4$ , но и  $\lambda=1$

**Таблица 15. Вычисление  $\lambda=1,2,3,4$  для генетического кода  $\beta$ -цепи молекулы инсулина**

$\lambda$	$s$	$n=F_\lambda(s)$	T	A	C	G	$X_1$	$X_2$	$X_3$	$X_4$	$\bar{X}_1$	$\bar{X}_2$	$\bar{X}_3$	$\bar{X}_4$	$\Delta_\lambda(s)$	$\bar{\Delta}_\lambda$
1	4	3	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	0	0	8
	5	5	3	1	0	1	3	1	1	0	2	1	1	1	2	
	6	8	4	1	0	3	4	3	1	0	3	2	2	1	4	
	7	13	5	3	2	3	5	3	3	2	5	3	3	2	0	
	8	21	7	5	5	4	7	5	5	4	8	5	5	3	2	
	9	34	12	6	9	7	12	9	7	6	13	8	8	5	4	
	10	55	21	9	13	12	21	13	12	9	21	13	13	8	2	
11	89	34	15	21	19	34	21	19	15	34	21	21	13	8		
2	4	12	5	3	1	3	3	3	5	1	2	2	8	0	12	246
	5	29	11	5	6	7	7	6	11	5	5	4	16	4	34	
	6	70	26	11	15	18	18	15	26	11	12	10	40	8	246	

3	4	33	12	6	8	7	8	7	12	6	3	3	27	0	302	302
4	4	72	27	11	15	19	19	15	27	11	4	4	64	0	1196	1196

Поскольку

$$\bar{\Delta} = \min \{ \bar{\Delta}_1, \bar{\Delta}_2, \bar{\Delta}_3, \bar{\Delta}_4 \} = \min \{ 8, 246, 302, 1196 \} = \bar{\Delta}_1 = 8,$$

то отсюда следует, что для генетического кода  $\beta$ -цепи молекулы инсулина показателем гармонии является  $\lambda = 1$

В силу свойства комплементарности,  $\lambda = 1$  является показателем гармонии и для генетического кода  $\alpha$ -цепи молекулы инсулина. Поэтому  $\lambda = 1$  является показателем гармонии для всей молекулы инсулина.

Таким образом доказано, что генетический код молекулы инсулина обладает наилучшим показателем гармонии  $\lambda = 1$  среди всех возможных показателей гармонии, так как при  $\lambda = 1$ , согласно свойствам  $\lambda$ -чисел Фибоначчи  $F_\lambda(s)$ , они совпадают с классическими числами Фибоначчи  $F_s$ .

Поэтому в частотном смысле генетический код молекулы инсулина основан на классических числах Фибоначчи  $F_s$  и золотой пропорции  $\tau$ , что полностью согласуется с концепцией закона Jean-Claude Perez.

Отметим также, что молекула инсулина кодирует 18 из 20 возможных аминокислот белка, то есть обладает высочайшей жизнеспособностью.

### Обсуждение полученных результатов

1. Одним из важнейших достижений 20-го столетия в области генетики явилось открытие **Френсисом Криком** и **Джеймсом Уотсоном** структуры *двойной спирали* ДНК [10].

Сущность проблемы анализа *генетического кода*- это решение двух задач:

- 1) познание того, какие именно *сочетания* и
- 2) по *скольким нуклеотидам* (или, в другой терминологии, *основаниям*) приводят к кодированию соответствующей аминокислоты (из 20 возможных) в структуре белка [11]-[13].

Единица кода, передающая при синтезе белка сведения об одной данной аминокислоте получила название *триплета* (или *кодона*). Каждый триплет состоит из трёх нуклеотидов из четырёх возможных типов нуклеотидов: *тимина* – **T**, *аденина* – **A**, *цитозина* – **C**, *гуанина* – **G**.

Хранителем триплетов является ДНК- единая *двойная спираль*, представляющая молекулу, состоящую из двух связанных противоположно ориентированных параллельных цепей, спирально закрученных вокруг общей оси (одна из них называется  $\alpha$ -*цепью*, а другая –  $\beta$ -*цепью*).

При этом для двух цепей ДНК выполняется условие *комплементарности*: против нуклеотида **A** в одной цепи стоит нуклеотид **T** в другой цепи и наоборот, а против нуклеотида **C** в одной цепи стоит нуклеотид **G** в другой цепи и наоборот.

Кроме того, каждая противоположная пара **A-T** связана двумя водородными связями, а каждая противоположная пара **C-G**-тремя водородными связями.

Данная статья частично связана со второй задачей генетического кода, а именно с проблемой *гармонического анализа генетических кодов*, то есть изучения частоты появления на различных отрезках ДНК или во всей молекуле ДНК типов нуклеотидов **T, A, C, G**, не взирая на разбиение на триплеты.

При этом мы не используем для решения этой задачи методы теории вероятностей и математической статистики, обычно применяемые в современной генетике.

Прорыв в этом новом направлении, основанный на использовании чисел Фибоначчи  $F_s$  и золотой пропорции (в другой терминологии, золотого сечения)  $\tau = \frac{1+\sqrt{5}}{2} \approx 1.61803$  предложил в 1990 году французский исследователь **Джин Перез** (Jean-Claude Perez).

Он обнаружил для некоторых генетических кодов ДНК последовательные множества нуклеотидов ДНК организованы в структуры дальнего порядка, называемые *резонансами*, представляющие собой тройки соседних чисел Фибоначчи  $F_s - F_{s-1} - F_{s-2}$  ( $s \geq 2$ ), называемыми *особыми пропорциями* и обеспечивающими разделение ДНК в соответствии с этими тройками.

Идея подхода Jean-Claude Perez, названного им *ДНК SUPRA-кодом*, изложена в пункте 3.2. В частности, *SUPRA-код ДНК* в законе Jean-Claude Perez может быть пустым, и в этом случае не обладать никакой информацией.

Начиная с 1990 г., указанная закономерность хотя и проверялась многими биологами и генетиками, однако при экспериментальной проверке закона Jean-Claude Perez невозможно охватить все генетические коды ДНК, то есть подтвердить или опровергнуть этот закон. Такие понятия, как «многие», «большинство» в законе Claude Perez являются математически неопределёнными.

Поэтому является актуальным нахождение какого-то наиболее общего математически обоснованного подхода к гармоническому анализу любых реальных генетических кодов ДНК.

2. В данной статье предложен общий математически обоснованный универсальный подход к гармоническому анализу всех реальных генетических кодов как для бывших, так и настоящих и даже, возможно, будущих живых организмов. Закон Jean-Claude Perez является частным случаем такого подхода.

Этот новый подход основан на использовании введённых в [8] египетским исследователем **Мидхатом Газале** и развитых **А.П. Стаховым** в [6] так называемых  $\lambda$ -чисел Фибоначчи  $F_\lambda(s) = \frac{(\tau_\lambda)^s - (-1)^s (\tau_\lambda)^{-s}}{\sqrt{4+\lambda^2}}$ , где  $\tau_\lambda = \frac{\lambda + \sqrt{4+\lambda^2}}{2}$  -золотая  $\lambda$ -пропорция,  $s$ -целые числа,  $\lambda > 0$  – заданное вещественное число.

При  $\lambda = 1$   $\lambda$ -числа Фибоначчи совпадают с классическими числами Фибоначчи  $F_s$ , а  $\tau_\lambda$  - с золотой пропорцией (золотым сечением)  $\tau$ .

Поскольку в нашей статье  $\lambda$ -числа Фибоначчи  $F_\lambda(s)$  и золотая  $\lambda$ -пропорция  $\tau_\lambda$  применяются для гармонического анализа генетических кодов ДНК, то, как показано в пункте 3.2, по необходимости получаем, что  $\lambda$  должно быть целым положительным числом ( $\lambda \in \mathbb{Z}^+$ ), а  $s \geq 4$ .

3. Основная стратегия, которая пронизывает всю статью, состоит в том, что в зависимости от значения целых чисел  $\lambda \in \mathbb{Z}^+ = \{1, 2, 3, \dots\}$  всё множество реальных генетических кодов ДНК можно разбить на счётное множество непересекающихся классов  $\{\Omega_\lambda\}$  ( $\Omega_\lambda \cap \Omega_{\lambda'} = \emptyset$ ,  $\lambda \neq \lambda'$ ) и в каждом классе  $\Omega_\lambda \in \{\Omega_\lambda\}$  построить бесконечную  $\lambda$ -резонансную фибоначчьевую таблицу  $K_\lambda$  из троек неотрицательных целых чисел, называемых, соответственно, *главным, средним и младшим  $\lambda$ -резонансами* (формулы (2.26)), а затем на основании таблиц  $K_\lambda$  в каждом классе  $\Omega_\lambda$  по некоторому правилу, указанному в пунктах 4.2 и 5.3, построить *стандартный представитель*, названный нами  *$\lambda$ -резонансным универсальным генетическим кодом  $\bar{K}_\lambda$* .

Для каждого такого класса  $\Omega_\lambda$  число  $\lambda$  называется *показателем гармонии этого класса*.

Числа  $n = F_\lambda(s)$  ( $s = \overline{4, +\infty}$ ) называются в статье  $\lambda$ -резонансными длинами.

Далее по алгоритму, разработанному в пункте 5.4, каждый реальный генетический код  $K$  сравнивается с конечным множеством возможных стандартных представителей  $\overline{K}_\lambda$  ( $\lambda = 1, 2, \dots, q$ ), где  $q$  зависит от длины  $N = N(K)$  молекулы ДНК (см. формулы (2.36)-(2.39) и таблицу 13).

В результате этой операции реальный генетический код  $K$  попадает в один и только один из классов  $\Omega_\lambda$  в зависимости от того, какое у этого генетического кода находится единственное число  $\lambda \in \mathbb{Z}^+$  (формула (2.60)), которое и называется показателем гармонии для этого генетического кода.

Все реальные генетические коды, попадающие в один и тот же класс  $\Omega_\lambda$ , имеют один и тот же показатель гармонии  $\lambda$ , совпадающий с показателем гармонии данного класса  $\Omega_\lambda$ .

Те реальные генетические коды, которые попадают в класс  $\Omega_\lambda$  с показателем гармонии  $\lambda = 1$ , имеют наилучший показатель гармонии.

В статье на примере генетического кода  $\beta$ -цепи молекулы инсулина (пункт 5.5) показано, что показатель гармонии, который ищется по правилу, изложенному в пункте 5.4, равен  $\lambda = 1$ , и, следовательно, мы математически доказали, что для гармонического (частотного) анализа этого генетического кода применение чисел Фибоначчи  $F_s$  и золотой пропорции  $\tau$  является оправданным, что согласуется с законом Jean- Claude Perez, который, как указано выше, математически не обоснован и носит гипотетический характер, несмотря на то, что подтверждается некоторым набором экспериментов.

Отметим также, что при  $\lambda = 1$  в пункте 4 дополнительно рассмотрены три модификации закона Jean- Claude Perez, основанные на числах Фибоначчи и золотом сечении, и не требующие, в отличие от закона Jean- Claude Perez, проверки на фибоначчиемость отрезков генетического кода.

4. Разработанный в статье новый общий подход гармонического анализа генетических кодов ДНК представляет не только научный интерес, но важен и с практической точки зрения, в частности, для *генной инженерии*.

## ЛИТЕРАТУРА

1. **Воробьев Н.Н.** Числа Фибоначчи. Москва, Наука, **1978**.
2. **Hoggat, V. E.** Fibonacci and Lucas Numbers, Houghton-Mifflin, Palo Alto, California, **1969**.
3. **Стахов А.П., Ткаченко И.С.** Гиперболическая тригонометрия Фибоначчи. Доклады Академии наук УССР, **1993**, Т. 208, № 7.
4. **Stakhov A, Rozin B.** On a new class of hyperbolic function. Chaos, Solitons & Fractals **2004**, 23(2): 379-389.
5. **Stakhov A. Rozin B.** The Golden Section, Fibonacci series and new hyperbolic models of Nature. Visual Mathematics, **2006**, V.8, No.3 (<http://members.tripod.com/vismath/pap.htm>)
6. **Стахов А.П.** Формулы Газале, новый класс гиперболических функций Фибоначчи и Люка и усовершенствованный метод «золотой» криптографии // «Академия Тринитаризма», М., Эл № 77-6567, публ.14098, 21.12. **2006** (<http://www.trinitas.ru/rus/doc/0232/004a/02321063.htm>)
7. **Stakhov A.** The “golden” matrices and a new kind of cryptography. Chaos, Solitons & Fractals, **2007**, V.32, Issue 3, 1138-1146.



8. **Gazale M.** Gnomon. From Pharaohs to Fractals. Princeton, New Jersey: Princeton University Press, **1999** (русский перевод, **2002**).
9. **Беллман Р.** Введение в теорию матриц. Москва, Наука, **1968**, 367 с.
10. **Watson J.D., Crick F. H.** Molecular structure of nucleic acids . Nature, **1953**, V. 171, P. 738-740.
11. **Дубинин Н.П.** Общая генетика. М.: Наука, **1986**, 559 с.
12. **Льюин Б.** Гены. М.: Мир, **1987**, 544 с.
13. **Айала Ф., Кайгер Дж.** Современная генетика. М.: Мир, **1988**, Т. 1-3.
14. **Watson J.D., Crick F.H.** Genetic implications of the structure of deoxyribose nucleic acid. Nature, **1953**, V.171, P. 964-967.
15. **Спирин А.С.** Биосинтез белков, мир РНК и происхождение жизни (<http://evolution.powernet.ru/library/biosynthesis.htm>) .
16. **Aranson S., Zhuzhoma E.** On arithmetical and dynamical properties of Lorenz maps of the torus. ArXiv:math. DS/0404464, 26 Apr. **2004**, V.1, P.1-14.
17. **Aranson S., Zhuzhoma E.** On arithmetical and dynamical properties of Lorenz maps of the torus. Institut de Recherche Mathematique de Rennes. France, Prepublication 04-27. April **2004**, P.1-14.
18. **Арансон С.Х., Жужома Е.В.** Арифметические и динамические свойства преобразований Лоренца на торе. Труды Средневолжского математического общества. Материалы Второй Международной научной школы «Математическое моделирование, численные методы и комплексы программ». Саранск. Россия. **2005**, Т.7, №1, С.245-247.
19. **Боднар О.Я.** Золотое сечение и неевклидова геометрия в природе и искусстве. Львов: «Свит», **1994**.
20. **Петухов С.В.** Метафизические аспекты матричного анализа генетического кодирования и золотое сечение. Метафизика. Москва, Бином, **2006**. С. 216-250.
21. **Шило Н.А., Динков А.В.** Фенотипическая система атомов в развитие идей Д.И.Менделеева // «Академия Тринитаризма», М., Эл № 77-6567, публ.14630, 09.11. **2007** (<http://www.trinitas.ru/rus/doc/0232/009a/02321073.htm> )
22. **Кедров Б.М.** Микроанатомия великого открытия. М.: Наука, **1970** .

*(Продолжение следует)*