

ГЕНЕТИЧЕСКИЙ КОД – КВАНТОВАННЫЙ ТЕНЗОР КРИВИЗНЫ ЧЕТЫРЕХМЕРНОГО РИМАНОВОГО ПРОСТРАНСТВА

В. В. Щербик, Л. П. Бучацкий

Киевский национальный университет имени Тараса Шевченко

Известно, что генетический код, который выражает зависимость аминокислот от триплетов мРНК, вырожден [1]. По аминокислотной последовательности невозможно однозначно восстановить последовательность триплетов нуклеотидов кодирующей мРНК. Алгебраический подход к выяснению природы вырожденности генетического кода применяется во многих работах [2–6]. Ключевой идеей такого подхода является спонтанное нарушение исходной симметрии с одновременным расширением числа аминокислот. Причина спонтанного нарушения симметрии остается неизвестной – не ясен источник хаоса. Кроме этого, рассматривается только множество из 64 состояний (триплетов) генетического кода без попыток его существенного расширения.

В работе [7] нами было выдвинуто предположение, что происхождение генетического кода тесно связано с римановой геометрией. Двадцать аминокислот генетического кода точно соответствуют числу независимых компонент тензора кривизны четырехмерного пространства-времени [8], что и означает вырожденность генетического кода.

Мы считаем, что генетический код представляет собой квантованный тензор кривизны четырехмерного риманового пространства, в котором происходит синтез белка. Но генетический код содержит только 64 состояния триплетного кода, тогда как тензор кривизны четырехмерного риманового пространства имеет 256 компонент. Если произвести спаривание аминокислот, относящихся к различным триплетам нуклеотидов мРНК, то количество состояний генетического кода можно удвоить. Для этого необходимо выполнить условие $A_{m1}(i, j, k) \neq A_{m2}(k_{i' j' i''})$, где π – некоторая перестановка триплетных нуклеотидов i, j, k . В частности, кодон-антикодонное спаривание аминокислот удовлетворяет условию $A_{m1}(i, j, k) \neq A_{m2}(k_{i' j' i''})$, поэтому подходит для удвоения состояний генетического кода.

В работе [9] было предложено разделить множество аминокислот на три группы в зависимости от центральной пары кодон-антикодонных триплетов. Это разбиение аминокислот на независимые группы представляется нам весьма важным. Мы используем таблицы генетического кода, построенные на основе кодон-антикодонного спаривания аминокислот. Для повторного удвоения состояний генетического кода используются таблицы изоформ тРНК.

Отметим, что в физической литературе квантованию полей в искривленных пространствах уделяется большое внимание [10, 11].

Сущность квантования тензора кривизны заключается в том, чтобы каждой независимой компоненте соответствовала отдельная физическая частица, не обязательно элементарная. Так как тензор кривизны имеет 4 индекса, то для нумерации 20-и физических частиц необходим 5-ый индекс. Введение 5-мерного пространства таким явным способом невозможно в четырехмерном мире. Но можно построить эквивалент 5-мерного пространства путем добавления к динамической части тензора кривизны некоторой стохастической части, тем более что риманово пространство в общем случае является неинтегрируемым.

Таблицы динамического и стохастического генетического кода

Генетический код, за исключением незначительных вариаций, универсален, то есть, одинаков для всех живых организмов.

В генетическом коде каждому триплету нуклеотидов мРНК (кодону) соответствует только одна аминокислота. Но не наоборот – генетический код вырожден. Кроме простого вырождения U/C в третьем положении кодона других явных свойств симметрии в генетическом коде не наблюдается. Квантование тензора кривизны с помощью алгебры Клиффорда квадратичных форм – это главная идея. Источником риманового пространства являются комплементарные пары нуклеотидов мРНК-тРНК, которым соответствуют пары аминокислот, образующие гиперболические пространства.

Гиперболические пространства – это пространства с сигнатурой $[p+ p-]$, то есть p интервалов (плоскостей) типа $z^2 = z_1^2 - z_2^2$. Считается, что гиперболические пространства всегда четной размерности [12]. Двойное число $z = z_1 + jz_2$ является лоренцевым поворотом. Для пространства с сигнатурой $[p+ p-]$ коллективное движение $2p$ частиц задает p преобразований Лоренца. Вырождение генетического кода не дает возможности выделить отдельные аминокислоты из их коллективного движения.

На рис. 1 приведена таблица динамического генетического кода в виде пар аминокислот, которые соответствуют кодон-антикодо-

новому спариванню нуклеотидов мРНК – тРНК. Все кодоны встречаются по одному разу.

Am5*={F,K,E,* ,L,Q}	Am8*={S,R,G,* ,P,W,T,C,A}
1F(UUU) = K(AAA) 1	1S(UCU) = R(AGA) 1
1F(UUC) = E(GAA) 1	1S(UCC) = G(GGA) 1
1L(UUA) = * (UAA) 1	1S(UCA) = * (UGA) 1
1L(UUG) = Q(CAA) 1	1S(UCG) = R(CGA) 1
1L(CUU) = K(AAG) 1	1P(CCU) = R(AGG) 1
1L(CUC) = E(GAG) 1	1P(CCC) = G(GGG) 1
1L(CUA) = * (UAG) 1	1P(CCA) = W(UGG) 1
1L(CUG) = Q(CAG) 1	1P(CCG) = R(CGG) 1

Am7={I,N,D,Y,M,H,V}	
1I(AUU) = N(AAU) 1	1T(ACU) = S(AGU) 1
1I(AUC) = D(GAU) 1	1T(ACC) = G(GGU) 1
1I(AUA) = Y(UAU) 1	1T(ACA) = C(UGU) 1
1M(AUG) = H(CAU) 1	1T(ACG) = R(CGU) 1
1V(GUU) = N(AAC) 1	1A(GCU) = S(AGC) 1
1V(GUC) = D(GAC) 1	1A(GCC) = G(GGC) 1
1V(GUA) = Y(UAC) 1	1A(GCA) = C(UGC) 1
1V(GUG) = H(CAC) 1	1A(GCG) = R(CGC) 1

Рис. 1. Таблица динамического (D) генетического кода с числом изоформ тРНК, равным 1. Три множества аминокислот Am5*, Am7, Am8* образуют независимые семейства.

Квадратичные формы для трех множеств аминокислот динамического (D) генетического кода имеют вид:

$Am5^*(2)_D [2+ 2-]: +2FK +2FE +4L^* +4LQ +2LK +2LE$. Исходные 6 переменные (аминокислоты) преобразуются в 4 коллективные переменные; 2 степени свободы заморожены. $Am7(3)_D [2+ 2-]: +2IN +2ID +2IY +2MH +2VN +2VD +2VY +2VH$. Исходные 7 аминокислот преобразуются в 4 коллективные переменные; 3 степени свободы заморожены. $Am8^*(3)_D [3+ 3-]: +4SR +2SG +2S^* +4PR +2PG +2PW +2TS +2TG +2TC +2TR +2AS +2AG +2AC +2AR$. Исходные 9 аминокислот преобразуются в 6 коллективных переменных; 3 степени свободы заморожены.

В квадратных скобках указаны сигнатуры квадратичных форм. Терминаторы в семействах Am5* и Am8* можно считать независимыми, так как сумма этих множеств имеет квадратичную форму с сигнатурой [5+ 5-]. У всех организмов, начиная с простейших, количество изоформ тРНК антикодонов больше единицы. Проверка показывает, что статистика антикодонов для различных организмов не влияет на сигнатуру квадратичной формы каждого семейства аминокислот Am5*, Am7, Am8*.

На рис. 2 показана таблица стохастического генетического кода в виде пар аминокислот, которые соответствуют изоформам тРНК для организма *Bos taurus (cow)*.

Am5*={F,K,E,* ,L,Q}	Am8U={S,R,G,U,P,W,T,C,A}
78F(UUU) = K(AAA) 06	44S(UUC) = R(AGA) 13
435F(UUC) = E(GAA) 30	391S(UCC) = G(GGA) 32
04L(UUA) = * (UAA) 10	29S(UCA) = U(UGA) 07
20L(UUG) = Q(CAA) 14	12S(UCG) = R(CGA) 07
40L(CUU) = K(AAG) 11	116P(CCU) = R(AGG) 13
164L(CUC) = E(GAG) --	1295P(CCC) = G(GGG) --
13L(CUA) = * (UAG) 05	178P(CCA) = W(UGG) 09
40L(CUG) = Q(CAG) 06	16P(CCG) = R(CGG) 04

Am7={I,N,D,Y,M,H,V}	
--I(AUU) = N(AAU) 18	04T(ACU) = S(AGU) 14
06I(AUC) = D(GAU) --	20T(ACC) = G(GGU) 01
11I(AUA) = Y(UAU) 08	143T(ACA) = C(UGU) 10
04M(AUG) = H(CAU) 35	13T(ACG) = R(CGU) 07
30V(GUU) = N(AAC) 20	19A(GCU) = S(AGC) 31
42V(GUC) = D(GAC) --	63A(GCC) = G(GGC) 02
39V(GUA) = Y(UAC) 21	338A(GCA) = C(UGC) 35
19V(GUG) = H(CAC) 39	07A(GCG) = R(CGC) 16

Рис. 2. Таблица стохастического (S) генетического кода с количеством изоформ тРНК для организма *Bos taurus (cow)* (UMD 3.1 Nov 2009). Числовые данные взяты из базы данных *Genomic tRNA Database*. Аминокислота Sec условно обозначена как U. Прочерки в таблице обозначают отсутствие антикодона.

Квадратичные формы для трех множеств аминокислот стохастического (S) генетического кода имеют вид:

$Am5^*(2)_S [2+ 2-]: +84FK +465FE +14L^* +34LQ +51LK +164LE +18L^* +46LQ$. Исходные 6 переменные преобразуются в 4 коллективные переменные; 2 степени свободы заморожены. $Am7(1)_S [3+ 3-]: +18IN +6ID +19IY +39MH +50VN +42VD +60VY +58VH$.

Исходные 7 аминокислот преобразуются в 6 коллективных переменных; 1 степень свободы заморожена.

$Am8U(1)_S [4+ 4-]: +57SR +423SG +36SU +19SR +129PR +1295PG +187PW +20PR +18TS +21TG +153TC +20TR +50AS +65AG +373AC +23AR$. Исходные 9 аминокислот преобразуются в 8 коллективных переменных; 1 степень свободы заморожена. Коэффициенты квадратичной формы определяются суммой изоформ тРНК. Каждая таблица рассматривается как двойная: например, 23(AR + RA). В динамической и стохастической таблицах всего 256 аминокислот.

Аффинное фактор-пространство генетического кода

Рассмотрим фактор-пространство преобразования подмножеств аминокислот при переходе от динамической к стохастической таблице генетического кода и обратно. Основными переходами являются преобразования множеств Am7 и Am8. Каждое из этих множеств содержит определенное количество замороженных степеней свободы, то есть координат.

Преобразование множеств $\mathbf{Am7(3)}_D \leftrightarrow \mathbf{Am7(1)}_S$ и $\mathbf{Am8^*(3)}_D \leftrightarrow \mathbf{Am8U(1)}_S$ определяет фактор-метрику $[3+ 1-]$ или $[1+ 3-]$, в зависимости от направления перехода, если положительной части сигнатуры метрики будет соответствовать количество замороженных степеней свободы конечного множества.

Если множества $\mathbf{Am7}$ и $\mathbf{Am8}$ преобразуются синхронно, то есть, их фактор-метрика переходов совпадает, то относительная фактор-метрика этих переходов будет $[2+ 2-]$ или $[4+ 0-]$. Относительная фактор-метрика не совпадает с фактор-метрикой переходов, поэтому, чтобы определить направление этих переходов будем размножать относительную фактор-метрику с помощью алгебры Клиффорда:

$$\begin{aligned} [2+ 2-] &\rightarrow CI(1, 1) \oplus CI(1, 1) \rightarrow [3+ 1-] \oplus [3+ 1-]; \\ [4+ 0-] &\rightarrow CI(2, 0) \oplus CI(2, 0) \rightarrow [3+ 1-] \oplus [3+ 1-]; \\ [0+ 4-] &\rightarrow CI(0, 2) \oplus CI(0, 2) \rightarrow [1+ 3-] \oplus [1+ 3-]. \end{aligned}$$

Ясно, что синхронные преобразования множеств $\mathbf{Am7}$ и $\mathbf{Am8}$ могут быть только с фактор-метрикой $[3+ 1-]$, что соответствует преобразованию стохастического генетического кода в динамический генетический код.

Несинхронные преобразования множеств $\mathbf{Am7}$ и $\mathbf{Am8}$, когда их фактор-метрика имеет противоположные знаки, определяют относительную фактор-метрику $[2+ 2-]$ или $[0+ 4-]$. В случае относительной фактор-метрики $[2+ 2-]$ или $[0+ 4-]$ предпочтительным будет преобразование множеств $\mathbf{Am7}$, $\mathbf{Am8}$ с фактор-метрикой $[3+ 1-]$ или $[1+ 3-]$ соответственно.

Преобразование множеств $\mathbf{Am5^*(2)}_D \leftrightarrow \mathbf{Am5^*(2)}_S$ с фактор-метрикой $[2+ 2-]$ обладает очевидным самодействием, но можно предположить, что оно определяет относительную фактор-метрику $[2+ 2-]$ при несинхронных преобразованиях множеств $\mathbf{Am7}$ и $\mathbf{Am8}$.

На основе преобразований множеств аминокислот генетического кода можно построить аффинный и псевдоаффинный тензоры кривизны четырехмерного пространства синтеза белка. Строение тензора кривизны в аффинном пространстве можно найти у Картана [13].

Аффинный тензор кривизны содержит 64 функции перехода $\mathbf{Am8^*(3)}_D \rightarrow \mathbf{Am8U(1)}_S$, 8 функций перехода $\mathbf{Am7(1)}_S \rightarrow \mathbf{Am7(3)}_D$ синхронно с 4 функциями $\mathbf{Am5^*(2)}_S \rightarrow \mathbf{Am5^*(2)}_D$; всего 76 функций. Последние 12 функций образуют два антисимметричных тензора кривизны.

Псевдоаффинный тензор кривизны содержит 81 функцию перехода $\mathbf{Am8U(1)}_S \rightarrow \mathbf{Am8^*(3)}_D$, 9 функций перехода $\mathbf{Am7(3)}_D \rightarrow \mathbf{Am7(1)}_S$.

4 функции с произвольным направлением перехода $\mathbf{Am5^*(2)}_D \leftrightarrow \mathbf{Am5^*(2)}_S$ и 2 функции преобразования терминаторов $\mathbf{S^*_D} \rightarrow \mathbf{SU}_S$; всего 96 функций.

Оператор тензора кривизны

Будем искать тензор кривизны без четвертого индекса. Имеем исходный тензор кривизны:

$$R^i_{mjk} = X_j \Gamma^i_{km} - X_k \Gamma^i_{jm} + \Gamma^i_{js} \Gamma^s_{km} - \Gamma^i_{ks} \Gamma^s_{jm}.$$

Здесь X_j - символ частной производной по координате x_j . Индекс i в определении тензора кривизны является сателитным и может быть опущен.

Усеченный тензор кривизны имеет вид:

$$R_{mjk} = X_j g_{km} - X_k g_{jm} + g_{js} \Gamma^s_{km} - g_{ks} \Gamma^s_{jm}$$

где g - метрический тензор со свойством $g_{js} \Gamma^s_{km} = \Gamma_{jkm}$.

$$\text{Далее } X_j g_{km} = \Gamma_{kmj} + \Gamma_{mjk}; X_k g_{jm} = \Gamma_{jmk} + \Gamma_{mkj}.$$

Эти производные отличаются от стандартных производных метрического тензора

$$X_j g_{km} = \Gamma_{kmj} + \Gamma_{mkj} \text{ вторым слагаемым аффинной связности.}$$

Из соотношений

$$X_k g_{ij} = \Gamma_{ijk} + \Gamma_{jki};$$

$$X_i g_{jk} = \Gamma_{jki} + \Gamma_{kij};$$

$$X_j g_{ki} = \Gamma_{kij} + \Gamma_{ijk};$$

можно получить выражения для коэффициентов связности

$$\Gamma_{jki} = 1/2 \{ X_k g_{ij} + X_i g_{jk} - X_j g_{ki} \}$$

$$\Gamma_{jik} = 1/2 \{ X_i g_{kj} + X_k g_{ji} - X_j g_{ik} \}.$$

Полагая $\Gamma_{jki} \neq \Gamma_{jik}$, мы приходим к несимметричности метрического тензора $g_{ij} \neq g_{ji}$.

Для усеченного тензора кривизны получаются 2 выражения:

$$R_{mjk} = (\Gamma_{kmj} - \Gamma_{kjm}) + (\Gamma_{mjk} - \Gamma_{mkj}) + (\Gamma_{jkm} - \Gamma_{jmk});$$

$$= S_{kmj} + S_{mjk} + S_{jkm}; S_{jkm} = \Gamma_{jkm} - \Gamma_{jmk};$$

S_{jkm} - тензор кручения связности;

$$R_{mjk} = (\Gamma_{kmj} - \Gamma_{jmk}) + (\Gamma_{mjk} - \Gamma_{kjm}) + (\Gamma_{jkm} - \Gamma_{mkj});$$

$$= Z_{kmj} + Z_{mjk} + Z_{jkm}; Z_{jkm} = \Gamma_{jkm} - \Gamma_{mkj};$$

Z_{jkm} - тензор кодирования кривизны.

Классический циклический тензор R_{mjk} равен нулю.

Теперь восстановим четвертый индекс у тензора кривизны.

Первая форма тензора кривизны образована соосными, одинаково закрученными спиральями мРНК-тРНК:

$$S_{jkm} \rightarrow L_{ijkm} = \Gamma_{ijkm} + \Gamma_{ijmk}.$$

В биспирали мРНК-тРНК возьмем 4 нуклеотидные пары и представим их как пары элементов алгебры Клиффорда $(+1, +1)$, $(+1, -1)$, $(-1, +1)$, $(-1, -1)$. Функция T_{ijkm} или \underline{T}_{ijkm} тогда определяется как сравнение значений (больше или меньше) тензора кривизны в четырех равноотстоящих точках вдоль траектории спирали мРНК или тРНК. Элементарная площадка, образуемая четырьмя последовательными парами нуклеотидов в касательном пространстве биспирали, вполне определяет значение тензора кривизны в каждой из 8-и точек. Наличие элементарной площадки, необходимо для определения тензора кривизны вдоль биспирали мРНК-тРНК [14]. Отметим, что эта элементарная площадка имеет степень размерности длины больше 2.

Вторая форма тензора кривизны связана с комплементарным спариванием кодона мРНК и антикодона тРНК:

$Z_{jkm} \rightarrow Q_{ijkm} = R_{ijkm} + \underline{R}_{imkj}$; $Q_{ijkm} = R_{imkj} + \underline{R}_{ijkm'}$
 где $\underline{R}_{imkj} = R_{imkj}$, $\underline{R}_{ijkm} = R_{ijkm}$ и подчеркнутые индексы соответствуют антикодону тРНК.

Прямое и обратное спаривание аминокислот кодона-антикодона соответствует тензору кривизны R_{ijkm} . Каждая аминокислота, компонента тензора кривизны, зависит от трех индексов (нуклеотидов), а четвертый индекс определяет номер страницы генетического кода: по две страницы на динамический и стохастический генетический код. Выбор тензора R_{ijkm} , а не R_{imkj} связан с отсутствием самодействия тРНК. Неоднозначность комплементарного спаривания мРНК-тРНК, которая выражается в отсутствии антикодона тРНК, не влияет на тензор R_{ijkm} , так как квадратичные формы подмножеств аминокислот после симметризации не теряют аминокислот, которые соответствуют пустым антикодонам. Классический тензор кривизны в четырехмерном римановом пространстве имеет 112 нулевых элементов, которым в квантованном тензоре кривизны соответствует 112 различных пар аминокислот в четырех страницах. Генетический код весьма стабилен. Поэтому квантованный тензор кривизны четырехмерного риманового пространства, который и есть генетический код, может быть только тензором пространства постоянной кривизны. Оператор тензора кривизны R_4 может зависеть только от компонент метрического тензора [14].

Будем строить оператор тензора кривизны R_4 на основе псевдоаффинного тензора кривизны. Наибольшую трудность вызывает

множество $Am5^*(2)_s$, которое необходимо поделить пополам. Обозначим условно любую половину множества $Am5^*(2)_s$ как $1/2Am5^*(2)_s$. Тогда оператор тензора кривизны четырехмерного риманового пространства можно представить формулой:

$$R_4 = \{Am8^*(3)_D \oplus 1/2Am5^*(2)_s\} \otimes \{Am7(1)_s \oplus 1/2Am5^*(2)_s\} - \\ - Am8U(1)_s \otimes \{Am7(3)_D \oplus Am5^*(2)_D\}.$$

В этой формуле сгруппированы гиперболические подпространства общего четырехмерного риманового пространства аминокислот генетического кода.

Выводы

Генетический код представляет собой квантованный тензор кривизны четырехмерного риманового пространства синтеза белка. Спаривание аминокислот генетического кода определяет все 256 компонент тензора кривизны. Квантованным представлением двадцати независимых компонент тензора кривизны являются двадцать аминокислот генетического кода.

Литература

1. Сингер М. Гены и геномы / М. Сингер, П. Берг. - М.: Мир. - 1998. - Т.1. - 373 с.
2. Bashford J.D. A supersymmetric model for the evolution of the genetic code / J.D. Bashford, I. Tsohantjis, P.D. Jarvis // Proc. Natl. Acad. Sci. USA. - 1998. - Vol. 95 - P. 987-992.
3. Hornos J.E.M. Symmetry and symmetry breaking: an algebraic approach to the genetic code / J.E.M. Hornos, Y.M.M. Hornos, M. Forger // Int. J. Mod. Physics B. - 1999. - Vol. 13. - P. 2795-2885.
4. Франнат Л. Квантовые группы и генетический код / Л. Франнат, П. Сорба, А. Циаррино. // ТМФ. - 2001. - Т. 128. - С. 27-42.
5. Di Giulio M. The origin of the genetic code: theories and their relationships, a review / M. Di Giulio // BioSystems. - 2005. - Vol. 80 - P. 175-184.
6. Бучацький Л.П. Виродженість генетичного коду у чотирирівнірному рімановому просторі матричної РНК / Л.П. Бучацький, В.В. Щербик // Вісник Київського нац. ун-ту. - 2008. - В. 53. - С. 71-72.
7. Ландау Л.Д. Теория поля / Л.Д. Ландау, Е.М. Лифшиц. - М.: Наука, 1973. - 504 с.
8. Чипенс Г.И. Скрытая симметрия генетического кода и законы взаимодействия аминокислот / Г.И. Чипенс // Биоорг. химия. - 1991. - Т.17. - С. 1335-1346.
9. Биррелл Н. Квантованные поля в искривленном пространстве-времени / Н. Биррелл, П. Девис. - М.: Мир, 1984. - 356 с.
10. Гитман Д.М. Каноническое квантование полей со связями / Д.М. Гитман, И.В. Тютин. - М.: Наука, 1986. - 216 с.

11. Розенфельд Б.А. *Неевклидовы пространства* / Б.А. Розенфельд. - М.: Наука, 1969. - 548 с.

12. Картан Э. *Пространства аффинной, проективной и конформной связности* / Э. Картан. - Казань: Изд. Казанского ун-та, 1962. - 210 с.

13. Рашевский П.К. *Риманова геометрия и тензорный анализ* / П.К. Рашевский. - М.: УРСС, 2002. - 664 с.

Резюме

Щербик В. В., Бучацький Л. П. *Генетичний код – квантований тензор кривизни чотиривимірного ріманового простору.*

Пари амінокислот генетичного коду розділені на три незалежні сімейства, які представлені квадратичними формами. Коефіцієнти квадратичних форм дорівнюють сумі чисел ізоформ тРНК антикодонів спарених амінокислот. Парування амінокислот генетичного коду визначає всі 256 компонент квантованого тензора кривизни чотиривимірного ріманового простору, в якому незалежними компонентами є двадцять амінокислот генетичного коду. Алгебра Кліффорда квадратичних форм підмножин амінокислот є алгеброю гіперболічних підпросторів в чотиривимірному рімановому просторі постійної кривизни, в якому відбувається синтез білка.

Ключові слова: генетичний код, алгебра Кліффорда, ріманів простір, тензор кривизни.

Резюме

Щербик В. В., Бучацкий Л. П. *Генетический код – квантованный тензор кривизны четырехмерного риманового пространства.*

Пары аминокислот генетического кода разделены на три независимые семейства, которые представлены квадратичными формами. Коэффициенты квадратичных форм равны сумме чисел изоформ тРНК антикодонов спаренных аминокислот. Спаривание аминокислот генетического кода определяет все 256 компонент квантованного тензора кривизны четырехмерного риманового пространства, в котором независимыми компонентами являются двадцать аминокислот генетического кода. Алгебра Клиффорда квадратичных форм подмножеств аминокислот является алгеброй гиперболических подпространств в четырехмерном римановом пространстве постоянной кривизны, в котором происходит синтез белка.

Ключевые слова: генетический код, алгебра Клиффорда, риманово пространство, тензор кривизны.

Summary

Stcherbic V. V., Buchatsky L. P. *The genetic code is quantized curvature tensor of four-dimensional Riemannian space.*

Pairs of amino acids of the genetic code are divided into three separate families, represented by quadratic forms. The coefficients of quadratic forms equal the sum of the numbers of tRNA anticodons isoforms paired amino acids. Pairing of amino acids of the genetic code specifies all 256 components of quantized four-dimensional Riemannian curvature tensor of the space in which independent components are twenty amino acids of the genetic code. Clifford algebra of quadratic forms is the algebra of subsets of amino acids hyperbolic subspaces in four-dimensional Riemannian space of constant curvature, where protein synthesis occurs.

Keywords: the genetic code, Clifford algebra, Riemannian space, curvature tensor.

Рецензент: д.біол.н., провід.наук.співр. Л.Т. Міщенко

ЕКОЛОГІЧНА І КЛІНІЧНА ІМУНОЛОГІЯ ТА ІМУНОРЕАБІЛІТАЦІЯ