

Эгоистичный ген в транзакционной интерпретации квантовой механики

А.В. Карасев

kar64382@yandex.ru

(Получена 27 марта 2010; опубликована 15 апреля 2010)

В транзакционной интерпретации квантовая механика формулируется в виде компьютерной программы, которая оценивает виртуальные варианты развития событий и выбирает конкретную их реализацию. Эта программа подобна своеобразной рамке, которую в перспективе можно дополнить алгоритмами нарастающего отбора генных мутаций. В этом случае развитое Докинзом понимание теории эволюции могло бы получить обоснование на физическом уровне.

В 1960-х годах в классической теории эволюции были осознаны следующие проблемы:

- Данные палеонтологии свидетельствует о практически мгновенном (в геологических масштабах) появлении полностью сформировавшихся видов, которые потом, на протяжении многих миллионов лет остаются неизменными. Редчайшие находки, которые (с определенными допущениями) можно интерпретировать как промежуточные звенья, самой своей уникальностью свидетельствуют не в пользу постепенных изменений [1].

- Оценки времени, необходимого для закрепления скачкообразных мутаций даже в простейших молекулярных биомеханизмах у одноклеточных микробов, значительно превышают современные представления о возрасте Вселенной [1]. Аналогичные оценки для более сложных организмов, а тем более для происхождения принципиально новых видов или для случайного самозарождения клетки из неживого материала представляются еще более фантастическими.

- Наконец, счастливая случайность происхождения нового вида должна сразу (в пределах одного поколения) проявиться не только в одной, отдельно взятой особи, но в достаточно крупной популяции. Чтобы иметь реальные шансы на выживание и закрепление. Это условие экспоненциально повышает время ожидания.

Решение этих проблем предложил в своих классических работах Ричард Докинз [2-3], в которых понимание жизни основано на молекулярной структуре генов, а организмы рассматриваются как часть среды, окружающей гены. Докинз ввел понятие алгоритма нарастающего отбора мутаций генетической структуры, сравнивая эти мутации со случайным набором символов на клавиатуре. Сущность предложенного алгоритма такова – каждая случайная фраза повторяется с некоторыми случайными вариациями (реплицируется). Затем все репликации оцениваются на сходство с заданным эталоном, и выбирается наилучший вариант, после чего цикл повторяется. Численные эксперименты показали впечатляющие результаты.

Этот подход получил заслуженное признание и развитие, но вместе с тем, осталось непонятным, как именно осуществляются механизмы нарастающего отбора в молекулярных структурах биомолекул. Где находится этот центр обработки информации, который оценивает мутации и где эталон оценки?

Общеизвестны насмешки креационистов, которые представляют процесс нарастающего отбора в виде как бы некоторой виртуальной обобщенной личности - «Главной Обезьяны», оценивающей мутации реальных обезьян [1]. Наименование, очевидно, должно скомпрометировать конечную цель теории эволюции.

То есть предложенный Докинзом алгоритм не получил должного обоснования на физическом уровне. В итоге все разнообразие компьютерного моделирования эволюции оказалось оторванным от какой-либо надежной физической платформы. При этом существенно обесценивается смысл моделирования, так как становится невозможным проанализировать зависимость его результатов от параметров модели и начальных условий, которые выбираются без учета физических процессов в генах, часто на основе соображений теории и практики компьютерных игр [4].

Казалось бы, напрашивающиеся аналогии с квантовой механикой, параллели с нейроинформатикой и квантовыми вычислениями должны были открыть широкий путь для предложений и исследований конкретных физических алгоритмов нарастающего отбора. Тем более, что этот путь осенен авторитетом Дэвида Дойча, убежденного, что само существование и развитие сложных организмов определенно свидетельствует о наличии в природе алгоритмов квантовых вычислений генетических комбинаций [5]. Однако, столь широко открытая дорога до сих пор остается пустой, и, в общем, понятно почему.

Действительно, попробуем представить себе, как должно выглядеть искомое решение предполагаемого квантового вычисления, описывающего скачкообразный (в наблюдаемом мире) переход от одной генной структуры к структуре нового биологического вида. Дэвид Дойч описывает соответствующий массив виртуальной информации, пользуясь интерпретацией множественных миров Эверетта. В более традиционной интерпретации квантовой механики этот массив должен представлять собой нечто вроде матрицы переходов (S-матрицы). Элементами этой матрицы должны быть состояния не электронов, не фотонов, а огромных молекулярных структур – генов, которые сами по себе практически не проявляют квантовых свойств. Значительные размеры и масса биомолекул обеспечивает им классическое поведение, что и позволяет реализовать известные методы генной инженерии. Искомую квантовую структуру можно также сравнить с обобщенной волновой функцией наблюдаемых биомолекул, подобной волновой функции физического поля, которая проявляется в наблюдениях частиц, но полностью не сводится к их собственным волновым функциям. Такая обобщенная волновая функция (как и любая волновая функция квантового поля) должна быть существенно нелокальной в пространстве и времени. Описание квантового поля проводится в терминах рождения и уничтожения тождественных частиц, которыми в данном случае должны быть гены. Искомое состояние генного поля – одновременное появление тождественных генов во множестве организмов, составляющих первичную популяцию. Нечто вроде лазерного импульса. Это обстоятельство также не согласуется с классическим и вполне локальным поведением наблюдаемых биомолекул – крупных, классических и без всякой интерференции между состояниями.

Предчувствие столь фантастического результата способно охладить энтузиазм любого исследования. Сейчас я попытаюсь этот энтузиазм вернуть.

Проблема в том, что мы видим скачкообразную, квантовую сущность эволюции и нам хочется понять эту сущность на основании того, что мы уже давно считаем привычным. А в физике мы привыкли к переходам, описываемой S-матрицей. И вот в попытках физического обоснования мы пытаемся экстраполировать в теорию эволюции понятие S-матрицы (или иного массива виртуальной информации в нетрадиционных интерпретациях квантовой механики), которая в данном случае приобретает колоссальные размеры. В итоге экстраполяция квантовых идей идет как бы в ширину, распространяясь в новую для себя область биологии, но не углубляясь в собственные понятия.

По моему глубокому убеждению, главным препятствием к экстраполяции положений квантового мировоззрения в науку вообще и в биологию в частности является традиционная, атомистическая терминология, которая принципиально ограничивает рамки рассмотрения обобщающих массивов и алгоритмов обработки виртуальной информации. В этих рамках

может быть раскрыто и понято существование лишь самых элементарных массивов и алгоритмов – например, волновой функции и волнового уравнения. Для более сложных квантовых явлений – например, в области биологии - требуется принципиально новый язык физики, который позволит экстраполировать квантовые идеи не в ширину, а в глубину понимания.

Здесь я хочу применить нейронную терминологию квантовой механики и на этом конкретном примере показать и подчеркнуть ее объяснительные перспективы и достоинства. В нейронной терминологии квантовая система представляется в виде комплексной нейросети, возбуждение нейронов которой аналогично наблюдаемым необратимым событиям. Волновая функция (или иной вектор состояния) физического объекта соответствует совокупности нейронных сигналов. Матрица переходов между состояниями объекта (S-матрица) соответствует матрице связей между нейронами сети.

В итоге гены (как и все физические объекты) рассматриваются не просто как комбинации атомов. Получается, что атом – это только минимальная порция вещества, которую можно отщипнуть от объекта, минимальный сигнал, который можно зафиксировать в нейросети. Но свойства гена как целостной структуры, вообще говоря, определяются не комбинацией атомов, а структурой всей нейросети в целом. Сочетание атомов лишь приблизительно определяет поведение системы.

Такой подход можно рассматривать как очередную интерпретацию квантовой механики или даже как особую картину мира [6,7]. Однако этих интерпретаций и без того более чем достаточно. Гораздо продуктивнее применить эту терминологию к традиционным интерпретациям, на конкретных примерах. В нашем случае наиболее эффективна транзакционная интерпретация Крамера [8], которая позволяет рассматривать процессы в виртуальном пространстве-времени, оценивать и сравнивать возможные варианты и принимать итоговое решение применительно к реальным, наблюдаемым условиям. Единственное отличие – в атомистической терминологии допустимы лишь элементарные варианты и решения. Нейронная терминология открывает дополнительные перспективы.

Квантовую механику в нейронной терминологии удобнее представить не в виде формул, а в виде транзакций программы на языке SQL. На то и транзакционная интерпретация! Тех, кто не знаком с этим популярным языком обработки данных я легко познакомлю, в объеме, достаточным для начала. Попутно замечу, что физику давно пора формулировать не в виде формул и уравнений, но в виде алгоритмов и программ. Просто до некоторых пор алгоритмы физических законов достаточно просты и удобно записывались в виде дифференциальных уравнений, которые решались аналитически. Но сейчас эти уравнения все равно приходится решать на компьютере. Так зачем терять время!

В любой физической задаче есть входная информация. Требуется найти выходную информацию по правильно примененному алгоритму. То есть язык обработки данных (не фортран и не алгол, на которых решаются системы дифференциальных уравнений) наиболее естественно подходит для формулировки физических задач. А самым естественным языком обработки данных является SQL. Данные на этом языке записываются в виде таблиц. Например, одномерный вектор представляется таблицей с одной графой. У каждой таблицы и графы должны быть имена:

Vector 1 – имя таблицы

X	- имя графы
0	- Значения записей
1	
2	
3	
...	

Чтобы из трех одномерных векторов сделать трехмерное пространство, надо написать команду Select (а в этом языке одна команда и есть)

```
Select -- имя команды (выбрать)
  X, Y, Z -- имена граф
From -- (из)
  Vector_1, Vector_2, Vector_3 -- имена таблиц
```

В результате получается трехмерный вектор в виде таблицы с тремя графами (или как их почему-то любят называть программисты - полями).

X	Y	Z
0	0	0
1	0	0
2	0	0
3	0	0
...		

Эти строки означают точки на оси X. Вот и весь язык. Конечно, все это можно описать иначе - «Рассмотрим процедуру перехода от линейной матричной алгебры к реляционной алгебре...». Но, во-первых, Фейнман бы этого не одобрил. А во-вторых, наша главная цель – перейти от всякой алгебраической символики к конкретному программированию.

Волновая функция в нейронной терминологии представляется совокупностью нейронных сигналов. При этом аргументы волновой функции – координаты или импульсы или числа заполнения – становятся идентификаторами (адресами) нейронов. В одномерном случае таблица нейронных сигналов выглядит так:

AMP	Имя таблицы (амплитуда вероятности)
Имена граф:	
Rel	– идентификатор (адрес) нейрона.
S	±1 – сигнал нейрона
i	0 или 1 – мнимая единица

Две суммы сигналов с данным идентификатором – одна при $i = 0$, другая при $i = 1$ составляют комплексное значение волновой функции.

Теперь легко понять матрицу переходов между состояниями квантовой системы. Она, как я и обещал, соответствует матрице связей между нейронами сети:

SHK	Имя таблицы (матрица связей между нейронами)
Имена граф:	
Rel1	– идентификатор первого нейрона.
Rel2	– идентификатор второго нейрона.
S	±1 – связь нейронов
i	0 или 1 – мнимая единица

Здесь имеется в виду, что сигнал поступает с первого нейрона (Rel1) на второй (Rel2). При этом смена состояния нейросети аналогична динамике квантового объекта.

$$\psi(y,t+dt) = \sum_x \langle y | S(t,dt) | x \rangle \psi(x,t) \quad (1)$$

Но для нейросети новое состояние выражается не формулой, состоящей из набора привычных математических символов, а командой - составить новую таблицу Amp, графы которой заполняются так:

Select

Shk.rel2 -- графа rel заполняется адресом второго нейрона из таблицы Shk
 , Shk.S*Amp.S -- графа S = произведение граф S из таблиц Shk и Amp
 , Shk.i+Amp.i – графа i – соответствующей суммой граф i (по модулю 2!)

from Shk, Amp – для всех комбинаций записей из этих таблиц

where Shk.rel1 = Amp.rel – у которых адрес первого нейрона таблицы Shk.rel1 равен адресу нейрона исходной таблицы Amp.

Более подробно все это подробно описано в [6], правда, на другом языке – не так красиво, зато детальнее. Суммой по модулю 2 в программировании называется сумма однобитовых (0,1) чисел, обладающая отличительным свойством:

$$1+1=0$$

Выглядит странно, но для компьютерной логики привычно – ведь число 2 в однобитовый разряд не запишешь. Единственное отличие – в этом случае (1+1) надо еще поменять знак графы S ($S=-S$), поскольку $i^2=-1$.

Вероятность события должна определяться квадратом модуля амплитуды. В нейронной терминологии для этого нужно взять 2 раза одну и ту же таблицу Amp и составить новую таблицу, которая будет спектром вероятности события:

Select

From Amp A, Amp B

Where A.rel = B.rel

and A.i = B.i

Выбрать все комбинации записей из двух идентичных копий (A и B) таблицы Amp, у которых совпадают идентификаторы нейронов и графа мнимой единицы

В итоге, если в таблице Amp есть N записей с некоторым значением идентификатора Rel, у которых $i=0$ и M записей, у которых $i=1$, то в итоговой таблице спектра вероятностей, для этого нейрона будет $N^2 + M^2$ записей, что соответствует квадрату модуля комплексного числа - $|\psi(x,t)|^2$.

Вот и вся нейронная терминология. На элементарном, физическом уровне транзакции наблюдаемых событий абсолютно идентичны традиционному, атомистическому описанию транзакционной интерпретации квантовой механики. Нейронная терминология придумана не для физических задач, но для решения интерпретационных проблем и экстраполяции квантовых идей. Когда мы пишем обычную матрицу переходов (например (1)), и определяем вероятность события $|\psi(x,t)|^2$, нам и в голову не приходит, что может быть как-то иначе. Поэтому, попытки экстраполировать основные квантовые идеи в теорию эволюцию приводят к фантастическим размерам матрицы переходов. А теперь посмотрим на матрицу переходов в нейронной терминологии – это же обычная программа на широко используемом языке. Программа предельно простая – в одну команду. Еще проще описывается спектр вероятности событий. И сразу напрашивается мысль о возможности более сложных алгоритмов в аналогичной программе. Тогда и фантастических матриц не понадобится. Вместо того, чтобы предполагать колоссальное увеличение размерности матрицы перехода, можно предположить существование более развитых алгоритмов смены состояния и последующей оценки этих состояний.

Здесь очень важный момент. Нейронная терминология абсолютно тождественна атомистической терминологии (и, следовательно, абсолютно не нужна) при следующем дополнительном утверждении - в физике не существует иных алгоритмов смены состояния,

кроме (1) и спектров выбора событий, кроме $|\psi(x,t)|^2$. В атомистической терминологии ничего подобного не утверждается, потому что ничего иного и предположить невозможно. Сама терминология ограничивает область предположений и допущений, которые собственно и определяют образ мышления. Классическое мировоззрение было фактически основано на подобном утверждении, которое тоже в явном виде не формулировалось – не существует иных алгоритмов смены состояния, кроме второго закона Ньютона. Это утверждение и привело к механизму и детерминизму. Мы видим, что квантовое мировоззрение от этого ушло, но сохранило некоторые рудименты и атавизмы классического механицизма, одним из которых является представление об исключительности атомистической терминологии. Это представление существует, потому что пока не предлагалось иной терминологии. Теперь очевидно, что атомистическая терминология наиболее удобна для описания собственно физических процессов, для предельного перехода к классической механике, для принципа соответствия. Но для понимания и объяснения квантовых эффектов, например, в биологии нужны иные подходы.

Одним из этих подходов может стать нейронная терминология. Потому что здесь утверждение алгоритмической ограниченности выглядит не просто нелепо. Здесь сама терминология зовет и ведет к поиску и развитию новых головокружительных алгоритмов происхождения видов. Но чтобы не слишком заголовокружиться, надо определить общую основу, платформу для этого развития. Иначе можно оторваться от физики и потерять цель и смысл всего предприятия – моделирования биологической эволюции именно на основе физики, а не каких-либо иных соображений. Мне представляется необходимой здесь как бы нейронная формулировка принципа соответствия. Все алгоритмы смены состояния обязательно должны содержать следующие этапы:

- перебор всех нейронов сети;
- оценка вариантов перехода;
- выбор нового состояния.

Подчеркнем, что, в соответствии с транзакционной интерпретацией квантовой механики, все эти этапы происходят в виртуальном мире. Именно здесь получает физическое обоснование и легитимацию Эгоистичный ген - как обобщение всех виртуальных генетических структур данного биологического вида со всеми их мутациями. Здесь прогнозируется дальнейшая судьба этих мутаций, оцениваются перспективы их выживания и только после этого выбираются наилучшие варианты, которые воплощаются в виде реальных молекулярных генов, оставляющих после своей биологической реализации ископаемые останки в мире наблюдаемых событий.

Этот массив виртуальной информации можно в соответствующем случае назвать даже «Главной обезьяной» - так как здесь проявляются все свойства обобщенной личности, типичные для нейронной терминологии [7,9].

Таким образом, основные условия для исследования физически обоснованных алгоритмов нарастающего отбора готовы. Поле вспахано, дерзкому исследователю остается его засеять. Предложена прочная рама для будущей картины, деталями которой могут быть возбуждение и удаление нейронов, добавление и удаление связей, структурирование адреса нейронов. Обязательно следует использовать опыт исследований квантовых нейросетей в нейроинформатике [10]. Многослойность нейросети и связь между слоями - все это может стать предметом перспективного исследования.

Литература

1. Гудинг Д., Леннокс Д. Мировоззрение. Ярославль: ДИА-пресс, 2000.
2. Докинз Р. Эгоистичный ген. http://www.erlib.com/Ричард_Докинз/Эгоистичный_ген

3. Докинз Р. Слепой часовщик. <http://lib.rus.ec/b/153786>
4. Бурцев М.С., Малинецкий Г.Г. Пасквиль на эволюцию. <http://www.keldysh.ru/pages/mrbur-web/publ/perm07>
5. Дойч Д. Структура реальности. <http://lib.ru/FILOSOF/DOJCH/reality.txt>
6. Карасев А. В. Представление квантовой механики на основе понятий и логики нейрокомпьютера// Физика волновых процессов и радиотехнические системы. 1999. том 2. № 3-4.
7. Карасев А. В. Нейронная картина мира// Вестник новых медицинских технологий. 2002. том 9. № 2.
8. Крамер Д. Транзакционная интерпретация квантовой механики. <http://ru.laser.ru/transaction/tiqm/>
9. Карасев А. В. Можно ли объяснить сознание в рамках классической физики? <http://www.niisi.ru/iont/ni/NI06/WS/Karasev.pdf>
10. А.А.Ежов. Некоторые проблемы квантовой нейротехнологии <http://www.niisi.ru/iont/ni/Library/School-2003/Ezhov-2003.pdf>