

<http://dx.doi.org/10.7236/IIBC.2016.16.3.203>

IIBC 2016-3-26

## 블록순환 행렬에 의한 이중나선 DNA 구조 ( I )

### A Double Helix DNA Structure Based on the Block Circulant Matrix ( I )

이성국\*, 박주용\*\*, 이문호\*\*\*

Sung-Kook Lee\*, Ju-Yong Park\*\*, Moon-Ho Lee\*\*\*

**요 약** 유전자 코드는 바이오 정보 처리에 키 포인트로 인체의 유기적인 조직체이다. 현대 과학에서는 유전자 코드 분자구조의 신비스러운 특성을 체계적으로 설명하고 이해하는데 연구가 집중되고 있다. 본 논문에서는 유전자 시스템을 대칭적으로 해석하는데 중점을 두었고, Jacket 행렬로 무잡음 RNA 유전자 코드를 가장 단순하게 해석했다. 이유는 Jacket 행렬과 RNA는 그 역행렬이 Element (Block)-wise Inverse로 그 역(Inverse)도 자신이란 점과 대칭적 성질, 그리고 Kronecker곱을 갖기 때문이다. 제안된 방법이 유전자 RNA 코돈(Codon : 卦)의 견지에서 Jacket 행렬의 분해를 통해 간단하고 명료함을 보인다.

**Abstract** The genetic code is a key to bio-informatics and to a science of biological self-organizing on the whole. Modern science faces the necessity of understanding and systematically explaining mysterious features of ensembles of molecular structures of the genetic code. This paper is devoted to symmetrical analysis for genetic systems. Mathematical theories of noise-immunity coding and discrete signal processing are based on Jacket matrix methods of representation and analysis of information. Both of the RNA and Jacket Matrix property also have the Element(Block) - wise Inverse Matrices. These matrix methods, which are connected closely with relations of symmetry, are borrowed for a matrix analysis of ensembles of molecular elements of the genetic code. This method is presented for its simplicity and the clarity with which it decomposes a Jacket Matrix in terms of the genetic RNA Codon.

**Key Words** : Genetic RNA Codon, Jacket matrix, Element(Block) - wise Inverse

#### 1. 서 론

1944년에 오스트리아의 양자물리학자인 슈뢰딩거 [[E.Schrödinger(1887~1961)]가, 『생명이란 무엇인가』라는 책을 저술하여, 처음으로 정보와 엔트로피 (entropy)를 사용하여 생명의 본질을 해석하였다<sup>[1]</sup>. 그는

유전자를 시계로 간주하여, 그 운동의 기초를 형성하는 것은 신이 부여한 양자역학의 노선에 따라 완성된 가장 정묘한 결자이라고 생각하였다. 그 결자이란 소립자의 비주기성 결정, 즉 유전암호이다. 1953년 미국의 왓슨 [J.D. Watson]과 영국의 크릭[F.H.C. Crick]이 X선 回折 分析法으로 RNA의 2중 나선구조를 증명하였고 1963년

\*정회원, 미국 인디애나 대학, 경제과

\*\*정회원, 신성대학교, ICT융합학과

\*\*\*정회원, 전북대학교, 전자공학부

접수일자 : 2016년 1월 28일, 수정완료 : 2016년 4월 18일

게재확정일자 : 2016년 6월 10일

Received: 28 January, 2016 / Revised: 18 April, 2016 /

Accepted: 10 June, 2016

\*\*\* Corresponding Author: moonho@jbnu.ac.kr

Dept: Division of Electronic Engineering, Chonbuk National University, Korea

에 노벨상을 받았다. [8]에서 실험적으로는 증명이 되었으나 수학적으로 DNA가 2중 나선구조를 갖고 있음이 증명되지 않았다. 본 논문에는 이점을 밝힌다. 1967년에 미국의 니렌버그[M. W. Nirenberg]와 코라나[H.G. Khorana]가 유전 암호표를 발표하였다. 이에 이르러 생명기원의 일원성이 증명되었다.

분자 생물학의 이와 같은 하나의 중대한 비약적 발전은 생명과학의 최첨단에 있는 3대 영역 즉 생명의 기원, 생물진화, 대뇌사유에 대한 새로운 인식을 불러 일으켰다. 새로 일어난 학제과학이 생물학의 영역에까지 침투해 온 셈인 것이다. 현재는 전 세계가 유전암호의 메카니즘을 찾는 데 몰두하고 있다<sup>[1]</sup>.

생명의 기원 문제는 과학에 있어서 난공불락의 가장 견고한 요새이다. 그 연구의 대상은 물질의 진화, 유기물의 진화, 정신세계의 기원이 몇 10억년 사이에 시간적으로나 공간적으로나 상당히 넓은 범위에 걸쳐서 발생한다는 과정에 있다. 이 요새를 공략하는 데는 철학·수학·물리학·화학·생물학·천문학·지질학·심리학·대뇌과학 등 여러 방면에서 연구가 이뤄질 필요가 있다.

고대 중국에서 노자는 道란 만물의 시작이며, 道는 우주본체가 천지만물을 생육하는 元神이며 영원히 사멸하는 일 없는 형이상학적인 ‘현화의 門’(『노자』 제6장)이라고 했다.

라이프니츠는 모나드(Monade)설을 제창하고 이것을 ‘예정조화’라 칭했다. 1828년에 독일의 화학자 베러가 尿素를 합성하여 처음으로 무기물에서 유기물을 만들 수 있다는 것을 증명했다. 1861년에 독일의 화학자 케쿨레(F.A. Kekulé(1829~1896))가 탄소의 원자가가 네 개라는 것을 발견하였다. 이때부터 화학구조식이 유기계의 표시식으로 사용되게 되었다.

근대에 노벨상을 수상한 학자는 생물학의 핵산분야가 가장 많다. 열거하면 와트슨, 크릭, 오초아[s. Ochoa(1905~)], 콘버그[A. Kornberg(1918~)], 홀리[R.W. Holley(1922~)], 자콥[F. Jacob(1920~)], 모노[J.L. Monod(1910~1976)], 르위프[A.M.Lwoff(1902~)], 니렌버그, 코라나 등이다. 유전암호표의 발견은 멘델레예프의 원소주기표와 마찬가지로의 가치가 있는 것으로서 그 과학적 의의가 평가되고 있다. 다윈은 “생명의 기원을 말하려면 먼저 원소의 기원을 말하는 것이 좋을 것이다. 왜냐하면 양자는 같은 것이기 때문이다.” 라고 했다.

개체의 발생사, 胚胎의 분화사는 생명진화의 모든 과

정을 반복한다. 독일의 헤켈(E. H. Haeckel, 1834~1919)이 제창한 생물의 발생에 관한 원칙, 즉 개체발생은 계통발생의 단축이 되고 또한 급속한 반복이며, 이 반복은 유전 및 적응의 생리적 기능에 의해서 규정된다는 설에 의하면 정자와 난자에 도달한다. 이들은 생명의 살아있는 화석이다. 전자·중성자·양자로 만들어진 C·H·O·N·P·S의 생명원소가 태양광선의 복사하에서  $CH_4 \cdot H_2O \cdot NH_3$ 의 원시 유기분자를 조성하고, 화학반응을 통해서 糖·푸린·피리미딘·시안화 수소·아미노산·푸로피린·알콜·알데히드 등 고등의 유기물로 전환된다(『생명기원의 화학기초』참고).

모노는 다음과 같이 말하고 있다. “암호의 기원은 랜덤 선택의 결과이며 지구상에 생물이 출현하기 이전에 생명이 출현할 확률은 영과 같다”(『우연과 필연』).

미국의 분자생물학자인 스텐트[G. S. Stent, 1924~]는 1974년에 발표한 논문에서 다음과 같이 주장하고 있다. “분자생물학의 성과는 신이 존재한다는 진실을 증명하고 있다. 왜냐하면 정보원인 핵산 RNA 분자에는, 모든 생물이 공유하고 있는 교묘한 유전암호라는 것이 포함되어 있고 이것은 조물주의 지혜로 생겨나지 않았다면 거의 불가능한 것이기 때문이다.”

영국의 피콕[R. Peacocke]도 『혼란[카오스]인가 아니면 우주[코스모스]인가』라는 논문에서 “신이 물질을 창조할 때, 그 물질에 필요한 속성을 부여하였는데 그 후에 물질이 일정한 법칙에 따라 발전해 가서 드디어 생명의 기원을 이끌어 내게 되었다”(『뉴사이언티스트』 제63권 916[910]期).

우주의 천문과 지질의 역사, 인류의 탄생, 사유의 발생, 生命樹의 확립 등에 의해 진화 변천이 어떤 방향으로 진전되고 있다는 것이 분명해졌다. 현재 우리의 우주는 황금시대를 맞이하고 있다. 인류의 탄생은 결코 우연이 아니고 사물의 발전이 일정한 단계에 도달하여 나타난 필연적인 산물인 것이다.

생명의 기원이란 RNA의 설계사에게 요구되었던 구상도가 너무나 고도한 것이었기 때문에, 그것은 철학·수학·화학·분자생물학·정보이론 등 여러 방면으로부터의 도전에 충분히 견디어 낼 수 있을 것이다. 철학에 대해서는 본체론에서의 정신과 물질의 본원 문제를, 수학에 대해서는 정보코드화의 순열조합의 문제를, 정보이론에 대해서는 정보와 엔트로피의 상관의 문제를 해결하도록 요구하고, 화학에 대해서는 무기계와 유기계 사이에 존재하

는 흠을 메울 수 있도록 요청하고 있는 것이다<sup>1),2)</sup>.

본 논문은 1장 서론, 2장 유전 암호의 코드화, 3장 인체 RNA Codon 코드, 4장 제안된 Circulant Jacket 행렬로 구성되어 있다.

## II. 유전암호의 코드화

1978년 왈레스([B.] Wallace)가 RNA 編成制御의 단백질 합성과정에 대한 컴퓨터 프로그램 문제를 발표했다. 유전암호를 코드화한 것을 컴퓨터의 EBCDIC언어(확장 2진화 10진코드의 약칭. 컴퓨터 코드 체계의 하나로서 8 비트(bit)로 한 문자를 나타내며  $2^8 = 256$  가지의 문자를 표현할 수 있다)로 256개의 다른 코드와 대응시키기 위해 그는 16진법 코드를 제창하였다.

그리고 각각 2제 3원을 한 조로 하는 암호를 사용함에 의해서 실현시켜,  $16^2 = 256$  종의 부호를 대응 가능케 하였다. 그 이후 컴퓨터의 프로그램에 있어서 RNA분자의 정보구조를 보존할 수 있게 되었으며, 이들 프로그램에서 어떻게 유전자의 제어조절조종을 실현시킬 수 있을까 하는 연구의 제일보를 내디디게 된 것이다. 다만 왈레스는 사논의 최적 코드화 방법, 즉 잡음과 용장도(冗長度)의 방해를 배제하는 방법을 극복할 수는 없었다[신호와 잡음의 비, 전달된 내용과 전달하기 위해 사용된 말이나 문장의 길이의 비가 엔트로피와 연관된다].

엘자서는 '바이오토닉 법칙(biotonic laws)을 발표했다. 그 법칙은 물리법칙과 같지는 않고, 순생물학적인 법칙이다. 정보량의 계산에 의하면, 단백질의 언어에서는 하나의 아미노산이  $I = \log_2 20 = 4.32$  비트의 정보를 갖는다. 유전암호의 트리플렛(triplet)은 3중으로 확장된 정보 엔트로피이며, 그것을 표준 엔트로피로 삼으면, 등확률조건의 암호로 되고, 그 정보량은  $I = H(x^3) = \log_2 4^3 = 6$ 의 암호가 된다. 동의어 코돈(Codon)은 아미노산의 용장도(Redundancy)와 대응하고 암호 퇴화사상(退化思想)이라 말해지고 있다.

사논의 잡음이 없는 코드화 정리는,  $\sum_{k=1}^N m^{-n_k} \leq 1$ 의 조건과 부합하지 않으면 안 된다. 2진위수(0, 1)의 코드화 정리에 대해서는,  $\sum_{k=1}^N 2^{-n_k} \leq 1$ 로 쓸 수가 있다. 잡음이 없는 통신로에 대해서 그 용량은  $C = \max H(X^3) = \log_2 m$ 이

된다(등확률로 될 때는 최대 엔트로피  $\log_2 m$ 을 갖는다. 2元 行列式은

$$(X, Y) = \begin{pmatrix} (X_1, Y_1) & (X_1, Y_2) & \dots & (X_1, Y_m) \\ (X_2, Y_1) & (X_2, Y_2) & \dots & (X_2, Y_m) \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ (X_n, Y_1) & (X_n, Y_2) & \dots & (X_n, Y_m) \end{pmatrix} \quad (1)$$

정보 엔트로피(정보원의 불확실성)는 다음 식으로 나타낼 수 있다.

$$H = -\sum P \log_2 P = \log_2 4^3 = 3 \log_2 2^2 = 6 \quad (2)$$

단백질의 유전암호에 관한 연구로는 소련의 물리학자 가모프(George Gamow)가 뛰어난 공헌을 하고 있다<sup>3)</sup>. 그는 가장 일찍이 유전암호가 모스 부호와 마찬가지로 간단하고 경제적인 최적 코드화 방식을 갖는다는 것을 지적하였다.

## III. 인체 RNA Codon 코드

주역과 유전자 코드의 유사성도 양의, 사상, 팔괘 그리고 64卦(Codon)로 설명되어진다. 즉 유전정보의 전달방향은 DNA→RNA→단백질이다. DNA는 세포핵의 염색체에 있어서 유전자의 정보를 간직하는 서고의 건양도(見樣圖)인 것이다. DNA가 복제轉錄하여 mRNA로 전사하고, mRNA가 세포핵막의 8각형의 구멍길을 빠져나와 세포질 내로 과고 들어가며, tRNA와 rRNA는 아미노산 폴리펩티드의 번역작업을 진행한다. 유전자 코드는 우선 피리미딘과 퓨린을 음양으로 나누어 볼 수 있으며, 피리미딘 형은 다시 시토신(C)과 티민(T), 퓨린 형은 구아닌(G)과 아데닌(A)이라는 염기질소(Basic Nitrogen)로 구성된다. 4종의 염기를 이진법으로 표기하면 C·T·G·A는 00, 01, 10, 11이 되는데 표 1과 같이 주역의 사상과 연관됨을 알 수 있다. 아미노산(Amino Acids)에서는 시토신 C(Cytosine), 아데닌 A(Adenine), 구아닌 G(Guanine), 우라실 U(Urasil)로 표현된다.

표 1. 3와 유전자 Code

Table 1. Trigram and genetic code.

\*3개의 유전자코드

DNA	양역		사상			팔괘		
	형태	유형	음양	염기	결합 유형	사상 코드	위치유형(0) Sense(+)	위치유형(0) Non sense(-)
	피리미딘	0	음 (-)	C 시토신	0	00 태음(☷)	001 C 간(☳)	000 ☰ 곤(☰)
				T(U) 티민	1	01 소양(☱)	011 U 손(☵)	010 ☵ 감(☵)
	퓨린	1	양 (+)	G 구아닌	0	10 소음(☱)	101 G 리(☲)	100 ☲ 진(☲)
				A 아데닌	1	11 태양(☰)	111 A 건(☰)	110 ☰ 태(☰)

유전자의 정보는 CTGA 4개의 문자가 3개씩 한 세트 로 결합하여 하나의 코돈(Codon)을 만드는데 코돈 (Codon)의 가지 수는  $4 \times 4 \times 4 = 64$ 로 인간의 몸속에서 일어나는 미시적 이치를 이 64종류의 코돈(Codon)으로 형성되는 것이다. 이는 주역의 64괘에 의해 삼라만상의 이치를 거시적으로 설명하는 것과 대비된다. Hadamard 행렬을 이용하여 이를 분석한 바는 다음과 같다.

1) Hadamard 행렬 일반식<sup>[4,5,6]</sup>

$$[H]_{n+1} = [H]_{n/2} \otimes [H]_2 = \begin{bmatrix} 1 & 1 \\ 1 & -1 \end{bmatrix}^{(n)} \quad (3)$$

이 때,  $\otimes$  은 Kronecker Product,  $n = \log_2 N$ .

예시,  $[H]_4 = [H]_2 \otimes [H]_2$ ,  $[H]_8 = [H]_4 \otimes [H]_4$ ,  $[H]_{16} = [H]_{8/2} \otimes [H]_2$

2) 유전인자 일반식<sup>[2]</sup>

$$P^n = \begin{bmatrix} CU \\ AG \end{bmatrix}^n \quad (4)$$

이 때, C는 시토신, A는 아데닌, U는 티민, G는 구아닌.

표 2.  $2 \times 2 P^1$ 의 경우

Table 2.  $2 \times 2 P^1$  case.

	0	1
0	C	U
	0	1
1	A	G
	1	0

표 3.  $4 \times 4 P^2$ 의 경우

Table 3.  $4 \times 4 P^2$  case.

	00(0)	01(1)	10(2)	11(3)
00(0)	CC 00	CU 01	UC 10	UU 11
01(1)	CA 01	CG 00	UA 11	UG 10
10(2)	AC 10	AU 11	GC 00	GU 01
11(3)	AA 11	AG 10	GA 01	GG 00

표 4.  $8 \times 8 P^3$ 의 경우

Table 4.  $8 \times 8 P^3$  case.

	000(0)	001(1)	010(2)	011(3)	100(4)	101(5)	110(6)	111(7)
000(0)	CCC 000	CCU 001	CUC 010	CUU 011	UCC 100	UCU 101	UUC 110	UUU 111
001(1)	CCA 001	CCG 000	CUA 011	CUG 010	UCA 101	UCG 100	UUA 111	UUG 110
010(2)	CAC 010	CAU 011	CGC 000	CGU 001	UAC 110	UAU 111	UGC 100	UGU 101
011(3)	CAA 011	CAG 010	CGA 001	CGG 000	UAA 111	UAG 110	UGA 101	UGG 100
100(4)	ACC 100	ACU 101	AUC 110	AUU 111	GCC 000	GCU 001	GUC 010	GUU 011
101(5)	ACA 101	ACG 100	AUA 111	AUG 110	GCA 001	GCG 000	GUA 011	GUG 010
110(6)	AAC 110	AAU 111	AGC 100	AGU 101	GAC 010	GAU 011	GGC 000	GGU 001
111(7)	AAA 111	AAG 110	AGA 101	AGG 100	GAA 011	GAG 010	GGA 001	GGG 000

다음 각각의 표는  $n = 1, 2, 3$  일 때의 예시이다. P1, P2, P3은 이진 Index Column과 Row의 중첩 (Superposition)으로 이뤄진다.

$$P^3 = \begin{bmatrix} CU \\ AG \end{bmatrix}^3 = \begin{bmatrix} CU \\ AG \end{bmatrix}^2 \otimes \begin{bmatrix} CU \\ AG \end{bmatrix}$$

일반식은  $P^N = P^{N/2} \otimes P^2$ 이며, 식 (3)과 같이 Hadamard 행렬과 유전자 일반식 식 (4)는 같은 Kronecker product로 전개됨을 알 수 있다. 유전인자 일반식 표 4.에서 총 64개 Amino Acid의 Triplet 중 32개의 “Strong roots”인 CC, CU, CG, AC, UC, GC, CU, GG를 +1이라 하고 “weak roots”인 CA, AA, AU, AG, UA, UU, UG, GA를 -1이라 하면 Rademacher 행렬로 주어진다.

표 5. 8×8 Genomatrix : genetic circulant 행렬<sup>[3]</sup>  
 Table 5. 8×8 Genomatrix : genetic circulant matrix<sup>[3]</sup>

卦(Goe)	Binary	000	001	010	011	100	101	110	111
坤 ☷	000	CCC	CCU	CUC	CUU	UCC	UCU	UUC	UUU
艮 ☶	001	CCA	CCU	CUA	CUS	UCA	UCU	UCA	UUS
坎 ☵	010	CAC	CAU	CCU	CCS	UAC	UAU	UUC	UUS
巽 ☴	011	CAA	CAU	CUA	CUS	UCA	UCU	UCA	UUS
震 ☳	100	ACC	ACU	AUC	AUU	CCC	CCU	CUC	CUU
離 ☲	101	ACA	ACU	AUA	AUS	CCA	CCU	CUA	CUS
兌 ☱	110	AAC	AAU	AUC	AUS	CAC	CAU	CUC	CUU
乾 ☰	111	AAA	AAU	AUA	AUS	CAA	CAU	CUC	CUU

표 5의 Encoding을 행렬로 나타내면 식 (5)와 같다.

$$\begin{pmatrix}
 1 & 1 & 1 & 1 & | & 1 & 1 & -1 & -1 \\
 1 & 1 & 1 & 1 & | & 1 & 1 & -1 & -1 \\
 -1 & -1 & 1 & 1 & | & -1 & -1 & -1 & -1 \\
 -1 & -1 & 1 & 1 & | & -1 & -1 & -1 & -1 \\
 \hline
 1 & 1 & -1 & -1 & | & 1 & 1 & 1 & 1 \\
 1 & 1 & -1 & -1 & | & 1 & 1 & 1 & 1 \\
 -1 & -1 & -1 & -1 & | & -1 & -1 & 1 & 1 \\
 -1 & -1 & -1 & -1 & | & -1 & -1 & 1 & 1
 \end{pmatrix} \quad (5)$$

식 5의 증명은 Block Circulant Jacket Matrix로 증명  
 이 된다. 즉,

$$C_{4p} = \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{pmatrix} \otimes \begin{pmatrix} 1 & 1 \\ -1 & 1 \end{pmatrix} \otimes \begin{pmatrix} 1 & 1 \\ 1 & 1 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 0 & 1 \\ 1 & 0 \end{pmatrix} \otimes \begin{pmatrix} 1 & -1 \\ -1 & -1 \end{pmatrix} \otimes \begin{pmatrix} 1 & 1 \\ 1 & 1 \end{pmatrix}.$$

한편, 8×8 Genetic Circulant 행렬은 이진 Index  
 Column과 Row의 Ex-OR로 이뤄진다.

표 5의 8×8 Genetic Circulant 행렬  $\begin{pmatrix} C_0 & C_1 \\ C_1 & C_0 \end{pmatrix}$ 은 Block  
 Circulant 행렬이다.

#### IV. 제안된 Circulant Jacket 행렬

정의 1 : 대칭 행렬  $[J]_N$ 은 역변환이 가능하고,  $[J]_N$ 의  
 역행렬 원소들이  $1/N$ 과  $[J]_N$ 의 (k,i) 원소들의  
 역수들의 곱과 동일한 경우,  $N \times N$  복소 행렬  
 $[J]_N$ 은 재킷 행렬이라 한다.

$$[J]_N = \begin{pmatrix}
 j_{0,0} & j_{0,1} & \cdots & j_{0,N-1} \\
 j_{1,0} & j_{1,1} & \cdots & j_{1,N-1} \\
 \dots & \dots & \dots & \dots \\
 j_{N-1,0} & j_{N-1,1} & \cdots & j_{N-1,N-1}
 \end{pmatrix} \quad (6)$$

$$[J]_N^{-1} = \frac{1}{N} [J]^{RT} = \begin{pmatrix}
 \frac{1}{N} & \frac{1}{N} & \cdots & \frac{1}{N} \\
 j_{0,0} & j_{1,0} & \cdots & j_{N-1,0} \\
 \frac{1}{N} & \frac{1}{N} & \cdots & \frac{1}{N} \\
 j_{0,1} & j_{1,1} & \cdots & j_{N-1,1} \\
 \dots & \dots & \dots & \dots \\
 \frac{1}{N} & \frac{1}{N} & \cdots & \frac{1}{N} \\
 j_{0,N-1} & j_{1,N-1} & \cdots & j_{N-1,N-1}
 \end{pmatrix} \quad (7)$$

여기서 RT는 Reciprocal transpose이다.

또한, 재킷 행렬의 경우  $p \times p$  블록들을 갖는  $N \times N$  행렬  
 $[C]_N = (C_{j,k})$ 은 블록 순환 재킷 행렬(block circulant Jacket  
 matrix)이라 한다. 여기서,  $N=np$ 이다. 특히,  $p=1$ 이면,  
 블록 순환 재킷 행렬은 순환 재킷 행렬이다.

예를 들어, Hadamard 행렬은 행렬 재킷 군(a class of  
 Jacket)이다.  $2 \times 2$  재킷 행렬은 다음과 같다.

$$[H]_2 = \begin{pmatrix} 1 & 1 \\ 1 & -1 \end{pmatrix} \quad (8)$$

이는, Hadamard 행렬이자 재킷행렬이기도 하다. 하지  
 만, 순환 행렬은 아니다. 따라서  $[H]_2$ 는 순환 재킷 행렬  
 이 아니다. 사실, 지금까지, 유일하게 알려진 순환  
 Hadamard 행렬은  $[H]_1=(1)$ 과 다음의  $[H]_4$ 이다.

$$[H]_4 = \begin{pmatrix} 1 & 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 & 1 \end{pmatrix} - 2 \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 & 1 & | & 1 & -1 \\ 1 & -1 & | & -1 & -1 \\ \hline 1 & -1 & | & 1 & 1 \\ -1 & -1 & | & 1 & -1 \end{pmatrix} \quad (10)$$

다른 순환 Hadamard 행렬은 존재하지 않는 것으로  
 추론된다. Modular Hadamard 행렬의 개념이 등장하였  
 는데, 기존의 재킷 행렬과 다르다. 예를 들면, 아래의  $[J]_2$   
 는 순환 재킷(circulant Jacket) 행렬이다<sup>[7]</sup>.

$$[J]_2 = \begin{bmatrix} a & ai \\ ai & a \end{bmatrix} \quad (10)$$

여기서, a는 0이 아닌 복소수이다. 다음의  $\omega$ 는 복소 단위 제제곱근, 즉  $\omega^3=1$ 이고,  $\omega \neq 1$ 이다. 따라서

$$[J]_3 = \begin{bmatrix} 1 & w & 1 \\ 1 & 1 & w \\ w & 1 & 1 \end{bmatrix}$$

$[J]_N$ 은 또한 3차 순환 재킷 행렬이다. 4차 순환 재킷 행렬에는 2가지 타입이 있다.

**정의 2 :**  $[J]_4$ 는 순환 재킷 행렬이라 한다. 그러면, 다음의 식들이 성립한다.

$$[J]_4 = \begin{pmatrix} a_0 & a_1 & a_0 & -a_1 \\ -a_1 & a_0 & a_1 & -a_0 \\ -a_0 & -a_1 & a_0 & a_1 \\ a_1 & -a_0 & -a_1 & a_0 \end{pmatrix} \quad (11)$$

$$[J]_4 = \begin{pmatrix} a_0 & a_1 & -a_0 & a_1 \\ a_1 & a_0 & a_1 & -a_0 \\ -a_0 & -a_1 & a_0 & a_1 \\ a_1 & -a_0 & -a_1 & a_0 \end{pmatrix} \quad (12)$$

증명.  $[J]_4$ 는 4차 순환 행렬이므로, 아래의  $[J]_4$ 는 4차 재킷 행렬이다.

$$[J]_4 = \begin{pmatrix} a_0 & a_1 & a_2 & a_3 \\ a_3 & a_0 & a_1 & a_2 \\ a_2 & a_3 & a_0 & a_1 \\ a_1 & a_2 & a_3 & a_0 \end{pmatrix}$$

따라서 재킷 행렬의 정의에 의해, 다음의 식들을 얻을 수 있다.

$$\frac{a_0}{a_3} + \frac{a_1}{a_0} + \frac{a_2}{a_1} + \frac{a_3}{a_2} = 0, \quad (13)$$

$$\frac{a_0}{a_2} + \frac{a_1}{a_3} + \frac{a_2}{a_0} + \frac{a_3}{a_1} = 0, \quad (14)$$

$$\frac{a_0}{a_1} + \frac{a_1}{a_2} + \frac{a_2}{a_3} + \frac{a_3}{a_0} = 0. \quad (15)$$

식 (13)과 (15)은 다음의 식 (12)을 의미한다.

$$\left(\frac{a_0}{a_3} + \frac{a_1}{a_3} + \frac{a_2}{a_1}\right)\left(\frac{a_0}{a_1} + \frac{a_1}{a_2} + \frac{a_3}{a_0}\right) = \left(-\frac{a_3}{a_2}\right)\left(-\frac{a_2}{a_3}\right) \quad (16)$$

식 (16)을 재배열함으로써, 다음의 식 (17)을 얻는다.

$$\left(1 + \frac{a_0 a_1}{a_2 a_3}\right)\left(1 + \frac{a_1 a_3}{a_0^2}\right)\left(1 + \frac{a_0 a_1}{a_1^2}\right) = 0 \quad (17)$$

식 (17)에 의해 다음의 세 가지 경우들을 고려한다.

**case 1 :**

$$1 + \frac{a_1 a_3}{a_0^2} = 0, \text{ i.e., } a_3 = -\frac{a_0^2}{a_1}$$

식 (13)에서  $a_3$ 을 치환하면 다음과 같다.

$$\frac{a_0 a_1}{-a_0^2} + \frac{a_1}{a_0} + \frac{a_2}{a_1} + \frac{-a_0^2}{a_1 a_2} = 0$$

따라서  $a_2 = \pm a_0$  이다. 만약,  $a_2 = a_0$  이면, 식 (14)에서  $a_3$ 과  $a_2$ 를 치환하면,  $a_1 = \pm a_0$  을 얻는다. 따라서 0 아닌 모든 복소수  $a_0$ 에 대해 다음의 식 (18)가 성립한다.

$$[J]_4 = \begin{pmatrix} a_0 & \pm a_0 & a_0 & \mp a_0 \\ \mp a_0 & a_0 & \pm a_0 & a_0 \\ a_0 & \mp a_0 & a_0 & \pm a_0 \\ \pm a_0 & a_0 & \mp a_0 & a_0 \end{pmatrix} \quad (18)$$

만약  $a_2 = -a_0$  이고, 식 (14)에서  $a_3$ 과  $a_2$ 를 치환하면,  $a_1 = \pm a_0 i$ 를 얻는다. 여기서,  $i^2 = 1$ 이다.

$$[J]_4 = \begin{pmatrix} a_0 & \pm a_0 i & a_0 & \mp a_0 i \\ \mp a_0 i & a_0 & \pm a_0 i & a_0 \\ a_2 & \mp a_0 i & a_0 & \pm a_0 i \\ \pm a_0 i & a_0 & \mp a_0 i & a_0 \end{pmatrix} \quad (19)$$

**case 2 :**

$$1 + \frac{a_0 a_2}{a_1^2} = 0, \text{ i.e., } a_2 = -\frac{a_1^2}{a_0}$$

식 (14)에서  $a_2$ 를 치환하면 다음을 얻는다.

$$\frac{a_0}{a_3} + \frac{a_1}{a_0} + \frac{-a_2^2}{a_0 a_1} + \frac{a_3 a_0}{-a_2^2} = 0$$

따라서  $a_3 = \pm a_0$ 이다. 만약,  $a_3 = a_1$ 이면, 식 (13)에서  $a_3$ 과  $a_2$ 를 치환하여,  $a_1 = \pm a_0$  을 얻는다. 이는,  $a_2 = -a_0$ 이고  $a_3 = \pm a_0$  을 의미한다.

따라서 다음과 같이 나타낼 수 있다.

$$[J]_4 = \begin{pmatrix} a_0 & \pm a_0 & -a_0 & \pm a_0 \\ \pm a_0 & a_0 & \pm a_0 & -a_0 \\ -a_0 & \pm a_0 & a_0 & \pm a_0 \\ \pm a_0 & -a_0 & \pm a_0 & a_0 \end{pmatrix} \quad (20)$$

만약,  $a_3 = -a_1$ 이면, 식 (14)에서  $a_2, a_3$ 을 치환하여 다음을 얻는다.

$$\frac{a_0^2}{-a_1^2} + \frac{a_1}{-a_1} + \frac{-a_1^2}{a_0^2} + \frac{-a_1}{a_1} = 0$$

따라서  $a_1 = \pm a_0 i$ ,  $a_2 = a_0$  그리고  $a_3 = \mp a_0 i$ 이다.

$$[J]_4 = \begin{pmatrix} a_0 & \pm a_0 i & a_0 & \mp a_0 i \\ \mp a_0 i & a_0 & \pm a_0 i & a_0 \\ a_0 & \mp a_0 i & a_0 & \pm a_0 i \\ \pm a_0 i & a_0 & \mp a_0 i & a_0 \end{pmatrix} \quad (21)$$

case 3 :

$$1 + \frac{a_0 a_1}{a_2 a_3} = 0, \text{ i.e., } a_3 = \frac{-a_0 a_1}{a_2}$$

식 (14)에서  $a_3$  을 치환하면 다음과 같다.

$$\frac{a_0 a_2}{-a_0 a_1} + \frac{a_1}{a_0} + \frac{a_2}{a_0} + \frac{-a_0 a_1}{a_2^2} = 0$$

여기서,  $a_2 = \pm a_0$ 이다. 그리고,  $a_3 = \mp a_1$ .

$$[J]_4 = \begin{pmatrix} a_0 & a_1 & \pm a_0 & \mp a_1 \\ \mp a_1 & a_0 & a_1 & \pm a_0 \\ \pm a_0 & \mp a_1 & a_0 & a_1 \\ a_1 & \pm a_0 & \mp a_1 & a_0 \end{pmatrix} \quad (22)$$

2p, 4p, 4kp, np차 블록 순환 재킷 행렬 이하에서 몇 가지 블록 재킷 행렬들을 제시한다.

### 1. 2p차 블록 순환은 재킷 행렬

**정의 3 :**  $[C]_N = \begin{pmatrix} C_0 & C_1 \\ C_1 & C_0 \end{pmatrix}$ 은  $N(=2p)$ 차  $2 \times 2$  블록 행렬로 상정한다. 만약,  $[C_0]_p$ 와  $[C_1]_p$ 가  $p \times p$  재킷 행렬이면,  $[C]_N$ 은 다음의 식 (22) 만을 만족하는 경우 재킷 행렬이다.

$$C_0 C_1^{RT} + C_1^{RT} C_0 = [0]_{N \times N} \quad (23)$$

**[중명]**  $C_0$ 과  $C_1$ 이 재킷 행렬이므로,  $C_0 C_0^{RT} = p [I]_p, 0$  그리고  $C_1 C_1^{RT} = p [I]_p$ 이다.

$[C] [C]^{RT} = N I_N$ 인 경우  $[C]_N$ 은 재킷 행렬이다. 따라서  $C$ 는 다음을 만족하는 경우 재킷 행렬이다.

$$[C][C]^{RT} = \begin{pmatrix} C_0 & C_1 \\ C_1 & C_0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} C_0 & C_1 \\ C_1 & C_0 \end{pmatrix}^{RT} \quad (24) \\ = \begin{pmatrix} 2p [I]_p & C_0 C_1^{RT} + C_1^{RT} C_0 \\ C_0 C_1^{RT} + C_1^{RT} C_0 & 2p [I]_p \end{pmatrix} \\ = N [I]_N$$

따라서  $[C]_N$ 은 다음을 만족하는 경우 재킷 행렬이다.

$$C_0 C_1^{RT} + C_1^{RT} C_0 = [0]_N \quad (25)$$

정의 3을 사용하여 많은 블록 순환 재킷 행렬을 구성할 수 있다.

예 1.

$$C_0 = \begin{pmatrix} 1 & a \\ 1 & -1 \end{pmatrix}, C_1 = \begin{pmatrix} a & -a \\ -\frac{1}{a} & -\frac{1}{a} \end{pmatrix}$$

여기서

$$C_0 C_0^{RT} = 2 [I]_2 \text{ 그리고 } C_1 C_1^{RT} = 2 [I]_2.$$

따라서  $C_0$ 와  $C_1$ 은 2차 제킷 행렬이고, 나아가,

$$\begin{aligned} & C_0 C_1^{RT} + C_1^{RT} C_0 \\ &= \begin{pmatrix} 1 & 1 \\ 1 & -1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} -\frac{1}{a} & -a \\ -\frac{1}{a} & -a \end{pmatrix} \\ &+ \begin{pmatrix} a & -a \\ -\frac{1}{a} & -\frac{1}{a} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 1 & 1 \\ 1 & -1 \end{pmatrix} \\ &= [0]_2. \end{aligned} \tag{26}$$

따라서 다음의 순환 행렬은 블록 순환 행렬은 제킷이다.

$$\begin{aligned} C &= \begin{pmatrix} C_0 & C_1 \\ C_1 & C_0 \end{pmatrix} \\ &= \begin{pmatrix} 1 & 1 & a & -a \\ 1 & -1 & -\frac{1}{a} & -\frac{1}{a} \\ a & -a & 1 & 1 \\ -\frac{1}{a} & -\frac{1}{a} & 1 & -1 \end{pmatrix} \\ &= \begin{bmatrix} 1 & 1 & 1 & -1 \\ 1 & -1 & -1 & -1 \\ 1 & -1 & 1 & 1 \\ -1 & -1 & 1 & -1 \end{bmatrix}, a=1인 경우(27) \end{aligned}$$

식 (27)을 sequence로 쓰면

$$C = C_0 I_0 + C_1 I_1 \tag{28}$$

이 된다. 여기서  $I_0 = I_1 = \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{pmatrix}$ ,  $C_0 = \begin{pmatrix} 1 & 1 \\ 1 & -1 \end{pmatrix}$ ,  $C_1 = \begin{pmatrix} 1 & -1 \\ -1 & -1 \end{pmatrix}$ 이다. 다음 제 2의 논문에서 구체적으로 DNA 이중나선 구조에 대해 해석한다. 표 3의 유전자 코드  $g = \begin{pmatrix} C_0 & C_1 \\ C_1 & C_0 \end{pmatrix}$ 는 위에서 유도한 Block Circulant Jacket 행렬로 쉽게 풀 수 있다.

표 6을 행렬로 써보면

$$\begin{aligned} C &= \begin{pmatrix} C_0 & C_1 \\ C_1 & C_0 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 & 1 \\ 1 & 0 \end{pmatrix} = \frac{1}{\sqrt{2}} \begin{pmatrix} -1 & 1 \\ 1 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} -1 & 0 \\ 0 & 1 \end{pmatrix} \frac{1}{\sqrt{2}} \begin{pmatrix} -1 & 1 \\ 1 & 1 \end{pmatrix} \\ &= [H]_2 [eigenvalue] [H]_2^{-1} \end{aligned} \tag{28}$$

표 6.  $\begin{pmatrix} C_0 & C_1 \\ C_1 & C_0 \end{pmatrix}$  Circulant Genomatrix : 유전자 코드  $2 \times 2$

Table 6.  $\begin{pmatrix} C_0 & C_1 \\ C_1 & C_0 \end{pmatrix}$  Circulant genomatrix : genetic code  $2 \times 2$ .

2진수(卦)		
2진수(卦)	1(一)	0(--)
1(一)	$C_0$ $1 \otimes 1 = 0$	$C_1$ $1 \otimes 0 = 1$
0(--)	$C_1$ $0 \otimes 1 = 1$	$C_0$ $0 \otimes 0 = 0$

⊗:EX-OR

로 증명이 된다. 여기서  $\begin{pmatrix} 0 & 1 \\ 1 & 0 \end{pmatrix}$ 은 Circulant 행렬,  $[H]_2$ 는 eigenvector,  $\begin{pmatrix} -1 & 0 \\ 0 & 1 \end{pmatrix}$ 은 eigenvalue,  $\begin{pmatrix} -1 & 1 \\ 1 & 1 \end{pmatrix}$ 은 eigenvector의 역이다.

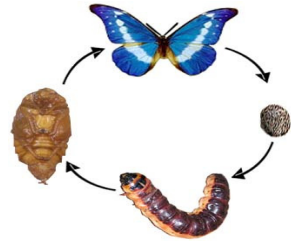


그림 1. 나비→알→애벌레→번데기 : 생명체의 변화. 외형은 계절(겨울→봄→여름→가을)에 따라 변하지만 원형 cell은 변하지 않고 Circulant 행렬  $\begin{pmatrix} C_0 & C_1 \\ C_1 & C_0 \end{pmatrix}$  과 같다.

Fig. 1. Butterfly→egg→larva→pupal: change of life. Appearance is changing according to season(winter→spring→summer→autumn), but original cell is not changing and is same to circulant matrix  $\begin{pmatrix} C_0 & C_1 \\ C_1 & C_0 \end{pmatrix}$ .

생명체가 계절에 따라서 나비가 되었다가 유충이 되고 애벌레, 그러다가 번데기, 나비가 다시 되어도 RNA는 변하지 않는다. 왜냐하면 eigenvector가 있고 그의 역은 같기 때문이다.

한편, 8괘(卦)에서는 건(하늘 : 乾 ☰, 111)의 역(逆 : Inverse)은 곤(땅 : 坤 ☷)이다. 정의를 하면 3bit의 경우  $\text{乾} \times \frac{1}{\text{乾}} = 111 \times \frac{1}{111} \doteq 111 \otimes 000 = 111 \Rightarrow 1$ , 2bit의 경우  $\text{少陽} \times \frac{1}{\text{少陽}} = 10 \times \frac{1}{10} = 10 \otimes 01 = 11 \Rightarrow 1$ 로 8괘는 Element-wise Inverse Jacket 행렬의 Family이다.



## V. 결론

유전자 RNA Code의 역사적 배경을 살펴보았고 C(Cytosine), U(Uracil), G(Guanine), A(Adenine) 유전자 코드가 Circulant 행렬을 갖고 있음을 확인했다. 그 예를 나비-유충-구더기-번데기->나비의  $2 \times 2$  Circulant 행렬로 표현할 수 있을 뿐만 아니라 나비모습 형태가 변하더라도 원형 DNA는 변하지 않는다. 이 말은 DNA Inverse는 바로 자신이다. 즉  $DNA \times \frac{1}{DNA} = I_N$  이다. DNA 이중 나선구조는 1953년 미국 Watson과 영국 Crick이 X선 회절분석 기법에 의해 증명되었고, 1963년에 노벨상을 수상하였다. 그러나 이에 대한 수학적 증명은 완성하지는 못했다. 다음 논문에서 이에 대해 구체적으로 증명한다.

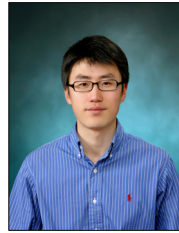
## References

- [1] Chae Hang Sik, *Modern Science by Shown I Ching*, Yeogang Press, 1992.
- [2] Mathew He, Sergeg Petoukhov, *Mathematics of Bioinformatics*, Wiley, 2011.
- [3] George Gamow, *One Two Three, Infinity*, Eric Yang Agency, 1961.
- [4] M. H. Lee, M. Kaveh, "Fast Hadamard Transform Based on a Simple Matrix Factorization", *IEEE Tans. on ASSP-34*, No.6, pp.1666-1667, Dec. 1986.
- [5] M. H. Lee, "The Center Weighted Hadamard transform", *IEEE Trans. 1989 CAS-36*, (9), pp.1247-1249.
- [6] Moon Ho Lee, "Simple Systolic Array Algorithm for Hadamard Transform", *Elect. Letters*, Vol. 26, No. 18, 30<sup>th</sup> Aug. 1990.
- [7] Moon Ho Lee, MIMO Communication Method and System using the Block Circulant Jacket Matrices, USA Patent 9,356,671, 05/31 2016.
- [8] Watson, J. D., Crick, F. H. C., "Molecular structure of nucleic acids," *Nature*, vol. 171, no. 4356, pp. 737-738, April 1953.

- [9] Jae Seung Yang, Ju Yong Park and Moon Ho Lee, "Jacket Matrix in Hyperbola," *The Journal of the Institute of Internet, Broadcasting and Communication(JIIBC)*, Vol. 15, No. 3, June 2015.
- [10] Ju Yong Park, Jeong Su Kim and Moon Ho Lee, "Jeju Jong-Nang Channel Code III," *The Journal of the Institute of Internet, Broadcasting and Communication(JIIBC)*, Vol. 12, No. 5, October 2015.

## 저자 소개

### 이 성 국(정회원)



- 2014년 : 미국 미네소타 대학(덜루스) 경제 및 수학과 최우등 졸업
- 2015년 : 인디애나 대학(블루밍톤) 경제학과 박사 과정
- <주관심분야 : 통신 경제, 바이오정보 및 거시경제학>

### 박 주 용(정회원)



- 1994년 : 전북대학교 전자공학과 박사
- 1991년~2007년 : 서남대학교 전기전자공학과 교수
- 2007년 3월~현재 : 신경대학교 ICT 융합학과 교수
- <주관심분야 : 무선이동통신, 통신이론>

### 이 문 호(정회원)



- 1984년 : 전남대학교 전기공학과 박사, 통신기술사
- 1985년~1986년 : 미국 미네소타 대학 전기과 포스트닥터
- 1990년 : 일본동경대학 정보통신공학 과박사
- 1970년~1980년 : 남양MBC 송신소장
- 1980년 10월~2010년 2월 : 전북대학교 전자공학부 교수
- 2010년 2월~2013년 : WCU-2 연구책임교수
- 2015 국가연구개발 우수성과 100선
- 현재 : 전북대학교 전자공학부 초빙교수
- <주관심분야 : Jacket행렬, 무선이동통신>

※ 본 연구는 한국 연구재단 도약 2015R1A2A1A05000977 지원으로 이루어졌음