

## К ОСНОВАМ СТРУКТУР НУКЛЕОТИДОВ, ГРАММАТИК И ГЕНОВ ЖИВЫХ СИСТЕМ

Эйнгорин М.Я.

НИИ ОКП «СКИТ»

ул. Рокоссовского, 8-225, г. Нижний Новгород, 603162, РФ

e-mail: skit@vmk.unn.ru

**Аннотация.** В работе рассматриваются теоретические основа построения генетических структур: принципы синтеза алфавита, базовых грамматик, систематизации базовых и альтернативных аминокислот, информационной многослойности мРНК, роль вечных двигателей для построения природы. Работа показывает искусственное происхождение живого Земли.

**Ключевые слова:** математическая логика, комбинаторная математика, инверсия, симметрия, равенства соответствия симметрии, нуклеотид, кодон, грамматики синтеза живого.

## TO BASES OF NUCLEOTIDES STRUCTURES, GRAMMARS AND GENES OF LIVING SYSTEMS

Ejngorin M. JA.

Scientific research institute of OKP "SKIT"

Rokossovsky str., 8-225, Nizhni Novgorod, 603162, Russia

e-mail: skit@vmk.unn.ru

**Abstract.** In this work theoretical basis of construction of genetic structures is considered: principles of synthesis of the alphabet, base grammars, ordering of base and alternative amino acids, information многослойности mRNA, a role of perpetums mobile for nature construction. Work shows an artificial origin live the Earth.

**Key words:** the mathematical logic, the combinatory mathematics, inversion, symmetry, equalities of conformity of symmetry, nucleotide, codon, grammar of synthesis live.

К настоящему времени, после открытия 4(5)-ти нуклеотидов, их основных параметров и принципов формирования, из них, цепей мРНК; открытия двойной спирали [1]; выявления троек нуклеотидов - кодонов, кодирующих 20 аминокислот, их основных параметров, наличия 17 диалектов; открытия ферментов поиска и коррекции мРНК; многоуровневой упаковки генов, началось активное математики для описания структур живого. К указанным работам можно отнести, например, труды [2-4].

Цикл работ автора с 1999 года, был направлен на осознание, как малый фермент может анализировать и править цепь, содержащую от сотен до десятков тысяч нейронов. Было принято, что ферменты «знают» некие короткие правила, по которым строятся мРНК. Автор предположил, что ко времени создания живой природы миллиарды лет назад, были созданы математика, физика, химия и идеология построенный живого на строго теоретической основе. Для выяснения этого вопроса исходные понятия генетики необходимо было изложить на математическом языке. Для этого предельно кратко изложим суть работ автора [6, 7]:

**I. Нуклеотиды.** Природой был синтезирован алфавит из  $2^2 = 4$  нуклеотидов, расположим их в природной последовательности:

**t, c, a и g.** (1)

Это четырехзначный логический позиционный алфавит. Присвоим нуклеотидам, в соответствии с их параметрами, двоичные коды, согласно таблицы 1:

Таблица 1

Параметры нуклеотидов →	Pi	Pu	H <sub>2</sub>	H <sub>3</sub>	P/H	Код P/H
Нуклеотиды ↓	Код →	x <sub>p</sub> = 0	x <sub>p</sub> = 1	x <sub>v</sub> = 0	x <sub>v</sub> = 1	x <sub>p</sub> /x <sub>v</sub>
<b>g</b>	–	1	–	1	Pu/ H <sub>3</sub>	1/1 ~ 11
<b>a</b>	–	1	0	–	Pu/ H <sub>2</sub>	1/0 ~ 10
<b>c</b>	0	–	–	1	Pi/ H <sub>3</sub>	0/1 ~ 01
<b>t (u)</b>	0	–	0	–	Pi/ H <sub>2</sub>	0/0 ~ 00

В таблице нуклеотидам условно присвоены позиционные двоичные коды: H<sub>2</sub> ~ 0, H<sub>3</sub> ~ 1, Pi ~ 0 и Pu ~ 1 (2) которые отражены на последующем графике на рисунке 1.

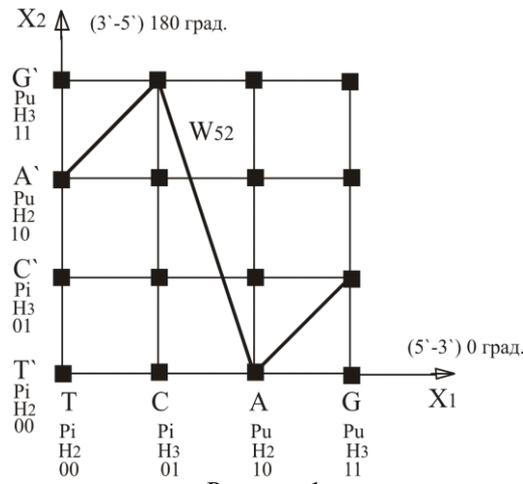


Рисунок 1

Для последующих построений запишем, уточненные в процессе выполнений работ [6 и 7], соотношений масс нуклеотидов:

$$m_c = 307\text{Da}, m_t = 322\text{Da}, m_a = 332\text{Da}, m_g = 347\text{Da}; \tag{3}$$

$$m_c + m_g = 654\text{Da} = M_o \text{ и } m_t + m_a = 654\text{Da} = M_o.$$

Поперечные размеры нуклеотидов:

$$L_C = 4,35\text{\AA}, L_T = 4,35\text{\AA}, L_A = 6,55\text{\AA}, L_G = 6,55\text{\AA};$$

$$L_C + L_G = 10,9\text{\AA} = L_o \text{ и } L_T + L_A = 10,9\text{\AA} = L_o.$$

Примем, что в цепях ДНК нуклеотиды попарно связаны между собой, инверсными связями или «развернуты» на  $180^\circ$ , в соответствии с графической комбинаторной группы  $W_{52}$  [6 или 7] в виде (см. рис. 1). Каждая пара сечения ДНК имеет массу  $M_o$  и поперечное сечение  $L_o$  (см. рис. 1).

На основе (3) можем записать:

$$m_c + m_t + m_a + m_g = 1308\text{Da} = 2M_o. \tag{4}$$

Для будущих построений на базе нуклеотидов и их параметров примем следующие их логические взаимосвязи:

1. для нуклеотидов:

$$c \sim Ng \text{ и } g \sim Nc, t \sim Na \text{ и } a \sim Nt; \tag{5}$$

2. для параметров:

$$H_2 \sim NH_3 \text{ и } H_3 \sim NH_2, Pu \sim NPi \text{ и } Pi \sim NPu.$$

**II. Грамматическая структура - кодонограмма.** Для построения модели представим кодоны в виде позиционных логических конъюнкций  $X_1X_2X_3$ , состоящих из (1). На основе кодона построим модель кодонограммы, в виде трехмерной структуры из всех возможных комбинаций  $2^{2 \times 3} = 2^6 = 64$  кодонов.

На рисунке 2 **кодонограммы** условно представлены основные параметры групп нуклеотидов:  $H_2$  и  $H_3$  – двойная и тройная водородные связи и  $Pi$  и  $Pu$  пуриновые и пиримидиновые возможные их связи в структурах ДНК. При этом, 1, 2 и 3 - позиции параметров нуклеотидов в кодоне и, соответственно, направлений  $X_1, X_2$  и  $X_3$ .

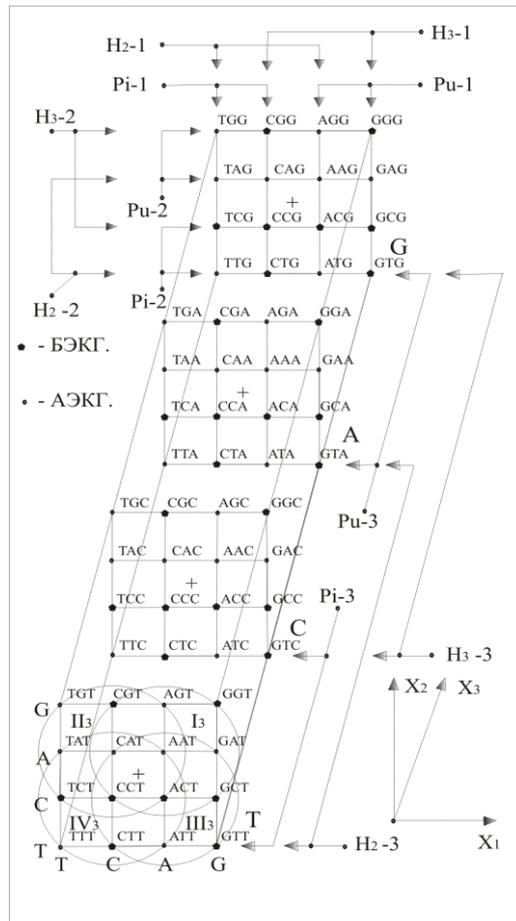


Рисунок 2

Для направлений  $X_1, X_2$  и  $X_3$  на базе **позиционной, природной** логики запишем выражения функций - элементарные кодоновые группы (ЭКГ), например, для направления  $X_3$ :

$$\begin{aligned}
 & F(X_1 X_2 X_3)_{3xx} \sim (\mathbf{ОКГ})_{3xx}^{(L)} \quad (6) \\
 & F(X_1 X_2 X_3)_{3(ТТ)} = \mathbf{ttt} \vee \mathbf{ttc} \vee \mathbf{tta} \vee \mathbf{ttg} = \mathbf{tt1} \sim (\mathbf{АЭКГ})_{3(ТТ)}^{(L)} \\
 & F(X_1 X_2 X_3)_{3(АТ)} = \mathbf{att} \vee \mathbf{atc} \vee \mathbf{ata} \vee \mathbf{atg} = \mathbf{at1} \sim (\mathbf{АЭКГ})_{3(АТ)}^{(L)} \\
 & F(X_1 X_2 X_3)_{3(АА)} = \mathbf{aat} \vee \mathbf{aac} \vee \mathbf{aaa} \vee \mathbf{aag} = \mathbf{aa1} \sim (\mathbf{АЭКГ})_{3(АА)}^{(L)} \\
 & F(X_1 X_2 X_3)_{3(ТА)} = \mathbf{tat} \vee \mathbf{tac} \vee \mathbf{taa} \vee \mathbf{tag} = \mathbf{ta1} \sim (\mathbf{АЭКГ})_{3(ТА)}^{(L)} \quad \left. \vphantom{F(X_1 X_2 X_3)} \right\} \sim \mathbf{IV}_3 \\
 \\
 & F(X_1 X_2 X_3)_{3(СС)} = \mathbf{cct} \vee \mathbf{ccc} \vee \mathbf{cca} \vee \mathbf{cgc} = \mathbf{cc1} \sim (\mathbf{БЭКГ})_{3(СС)}^{(L)} \\
 & F(X_1 X_2 X_3)_{3(СГ)} = \mathbf{gct} \vee \mathbf{gcc} \vee \mathbf{gca} \vee \mathbf{gcg} = \mathbf{gc1} \sim (\mathbf{БЭКГ})_{3(СГ)}^{(L)} \\
 & F(X_1 X_2 X_3)_{3(СГ)} = \mathbf{ggt} \vee \mathbf{ggc} \vee \mathbf{gga} \vee \mathbf{ggg} = \mathbf{gg1} \sim (\mathbf{БЭКГ})_{3(СГ)}^{(L)} \\
 & F(X_1 X_2 X_3)_{3(СГ)} = \mathbf{cgt} \vee \mathbf{cgc} \vee \mathbf{cga} \vee \mathbf{cgg} = \mathbf{cg1} \sim (\mathbf{БЭКГ})_{3(СГ)}^{(L)} \quad \left. \vphantom{F(X_1 X_2 X_3)} \right\} \sim \mathbf{I}_3 \\
 \\
 & F(X_1 X_2 X_3)_{3(СТ)} = \mathbf{ctt} \vee \mathbf{ctc} \vee \mathbf{cta} \vee \mathbf{ctg} = \mathbf{ct1} \sim (\mathbf{БЭКГ})_{3(СТ)}^{(L)} \\
 & F(X_1 X_2 X_3)_{3(СТ)} = \mathbf{gtt} \vee \mathbf{gtc} \vee \mathbf{gta} \vee \mathbf{gtg} = \mathbf{gt1} \sim (\mathbf{БЭКГ})_{3(СТ)}^{(L)} \\
 & F(X_1 X_2 X_3)_{3(ГА)} = \mathbf{gat} \vee \mathbf{gac} \vee \mathbf{gaa} \vee \mathbf{gag} = \mathbf{ga1} \sim (\mathbf{АЭКГ})_{3(ГА)}^{(L)} \\
 & F(X_1 X_2 X_3)_{3(СА)} = \mathbf{cat} \vee \mathbf{cac} \vee \mathbf{caa} \vee \mathbf{cag} = \mathbf{ca1} \sim (\mathbf{АЭКГ})_{3(СА)}^{(L)} \quad \left. \vphantom{F(X_1 X_2 X_3)} \right\} \sim \mathbf{III}_3 \\
 \\
 & F(X_1 X_2 X_3)_{3(ТС)} = \mathbf{tct} \vee \mathbf{tcc} \vee \mathbf{tca} \vee \mathbf{tcg} = \mathbf{tc1} \sim (\mathbf{БЭКГ})_{3(ТС)}^{(L)} \\
 & F(X_1 X_2 X_3)_{3(АС)} = \mathbf{act} \vee \mathbf{acc} \vee \mathbf{aca} \vee \mathbf{acg} = \mathbf{ac1} \sim (\mathbf{БЭКГ})_{3(АС)}^{(L)} \\
 & F(X_1 X_2 X_3)_{3(АГ)} = \mathbf{agt} \vee \mathbf{agc} \vee \mathbf{aga} \vee \mathbf{agg} = \mathbf{ag1} \sim (\mathbf{АЭКГ})_{3(АГ)}^{(L)} \\
 & F(X_1 X_2 X_3)_{3(ТГ)} = \mathbf{tgt} \vee \mathbf{tgc} \vee \mathbf{tga} \vee \mathbf{tgg} = \mathbf{tg1} \sim (\mathbf{АЭКГ})_{3(ТГ)}^{(L)} \quad \left. \vphantom{F(X_1 X_2 X_3)} \right\} \sim \mathbf{II}_3
 \end{aligned}$$

При:

$$\mathbf{t} \vee \mathbf{c} \vee \mathbf{a} \vee \mathbf{g} \equiv \mathbf{1} \quad (\text{см. рис. 2}). \quad (7)$$

На рисунке 1 кругами на плоскости  $X_1 X_2$  отмечены «трубки»  $\mathbf{I}_3, \mathbf{II}_3, \mathbf{III}_3$  и  $\mathbf{IV}_3$ , проходящие по всем плоскостям  $x_3 = \mathbf{t}, \mathbf{c}, \mathbf{a}, \mathbf{g}$  направления  $X_3$ . В выражениях функций (6) они разделены на три группы: альтернативные -  $\mathbf{АЭКГ} (\mathbf{IV}_3)$ , базовые -  $\mathbf{БЭКГ} (\mathbf{I}_3)$  и две смешанные группы: половина функций  $\mathbf{АЭКГ}$  и половина функций  $\mathbf{БЭКГ} (\mathbf{II}_3$  и  $\mathbf{III}_3)$ . Отметим, что все кодоны на рисунке 1, отмеченные «жирной» точкой и соответствующие функциям  $\mathbf{БЭКГ}$  в

выражениях (б) соответствуют «сильным» (с) парам нуклеотидов  $X_1X_2$ , не «жирной» точкой и АЭЖГ – «слабым» (Nс) парам нуклеотидов [4].

В работах [6, 7] в плоскостях  $X_1X_2$  показана симметрия параметров нуклеотидов  $H_2 - H_3$ ,  $P_i - P_u$  кодоногаммы, их ортогональность, дан ряд соотношений взаимосвязи «с» и «Nс»  $X_1X_2$  кодонов.

Кодонограмма [4] используется для построения грамматических структур взаимосвязи групп кодонов и аминокислот – аминокрамм диалектов.

**III. Систематизация аминокислот живых систем.** В результате, были построены таблицы систематизации аминокислот по их параметрам: полярности (P, NP), гидрофобности (Го) и гидрофильности (Ги). В процессе анализа, для четырех аминокислот был введен параметр нейтральности Гн. Тогда, одна из таблиц систематизации по параметрам Ги - Гн - Го имеет вид:

Таблица 2

I,C,- 7,NP L,C,- 6,NP I,C,-7,NP	L,C,- 6,NP	M,C, -5, NP	V, C, - 4, NP	←	Г
F,B,- 9,NP	Y,B,-8, P*	W,B, -3, NP	C,M*,- 2,NP	←	Г
T,M, - 1, P	A,M,- 0,NP	P, M, +0, NP	S, M, +1, P	←	Г
Q,C, +6, P	N,C, +7, P	D, C, +8, P	E,C, +9, P	←	Г
R,B,+ 2, P	H,B, +3, P	G,M*,+4, NP*	K,B,+5, P	←	Г
1 ↑	2 ↑	3 ↑	4 ↑	←	5

В таблице  $2 \ 0 \pm 9$  обозначена относительная гидрофобность аминокислот. Три из 4-х мини-матриц  $2 \times 2$  и вся структура матриц  $4 \times 4$  имеет вид матриц Адамара.

Аналогичная таблица в [6, 7] построена для определяющих параметров P – NP.

**IV. Грамматические структуры аминокрамм диалектов.** Модели структур построены на базе таблиц соответствия кодоны – аминокислоты и кодоногаммы (см. рис 1).

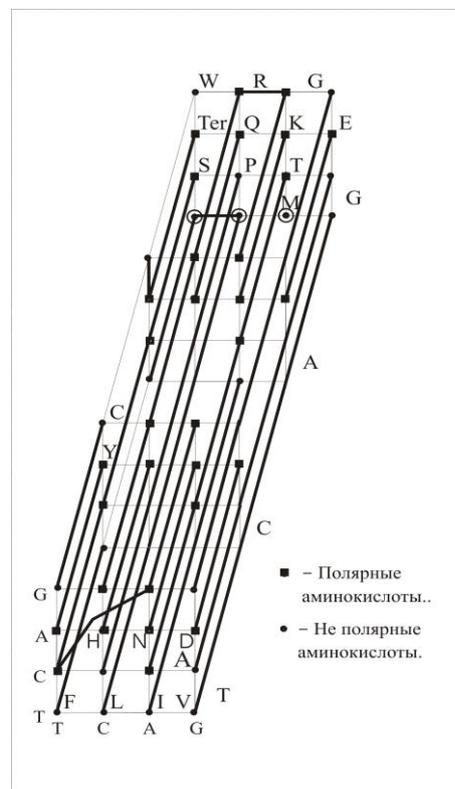


Рисунок 3

На рисунке 3 приведена одна из 17 (точнее 16) аминокрамм диалекта **УБК** (Универсального биологического кода). Все аминокраммы диалектов даны в работах [6, 7].

Запишем позиционную систему логических равенств - соответствия кодонов - аминокислотам для диалекта **УБК** рисунка 2:

$$\begin{array}{l}
 \text{cc1} \sim \text{P}, \\
 \text{cat v cac} \sim \text{H}, \text{ caa v cag} \sim \text{Q}, \\
 \text{cg1} \sim \text{R}, \\
 \text{aga v agg} \sim \text{R}, \\
 \text{gat v gac} \sim \text{D}, \text{ gaa v gag} \sim \text{E}, \\
 \text{gc1} \sim \text{A}, \\
 \text{gg1} \sim \text{G}, \\
 \text{ac1} \sim \text{T}, \\
 \text{gt1} \sim \text{V}, \\
 \\
 \text{tc1} \sim \text{S}, \\
 \text{agt v fgc} \sim \text{S}, \\
 \text{ct1} \sim \text{L}, \\
 \text{tta v ttg} \sim \text{L}, \\
 \text{tgt v tgc} \sim \text{C}, \quad \text{tgg} \sim \text{W}, \\
 \text{taa v tag v tga} \sim \text{Ter}, \\
 \text{tat v tac} \sim \text{Y}, \\
 \text{att v atc v ata} \sim \text{I}, \text{ atg} \sim \text{M}, \\
 \text{ttt v ttc} \sim \text{F}, \\
 \text{aat v aac} \sim \text{N}, \text{ aaa v aag} \sim \text{K}.
 \end{array} \quad \sim \text{B} \quad \sim \text{NB} \quad (8)$$

В случае (1) вдоль каждого из 16 направлений по  $X_3$  ЭКГ<sub>3</sub> «выстроятся» единые параметры третьего нуклеотида  $X_3$  каждого из кодонов и единые покрытия кодонов аминокислотами для 8-ми из 16 ЭКГ<sub>3</sub>, обеспечивая более чем тройную избыточность всех 16 диалектов. В работах [6, 7] показана единая математическая симметрия параметров аминокислот в плоскостях  $X_1X_2$  вдоль  $X_3$  аминокрамм диалектов, наличие «перемычек» одинакового «покрытия» аминокислотами.

Из 20 аминокислот, каждой из 17-ти аминокрамм диалектов, десять **базовых «В»** (8) с единой дислокацией и десять **не базовых**:

$$\begin{array}{l}
 [\text{V v G v T v A v P v Q} \leftrightarrow \text{H v D} \leftrightarrow \text{E v R}] \sim \text{B} \sim 1 \\
 [\text{I} \leftrightarrow \text{M v F} \leftrightarrow \text{L v W} \leftrightarrow \text{C v S} \leftrightarrow \text{N} \leftrightarrow \text{K v Y} \leftrightarrow \dots] \sim \text{Ns} \sim \text{NB} \sim 0
 \end{array} \quad (9)$$

Аминокислоты (10) обеспечивают вариации белков и протеинов в группах организмов.

В генетике имеется понятие «сильных» ~ «с» и «слабых» ~ «Nc» или «с» пар  $X_1X_2$  нуклеотидов кодонов. Отношение (В) и (NB) аминокислот к парам нуклеотидов с и  $\underline{c}$  представлена таблицей 3.

Таблица 3

$\Pi_T$	X	$X_1 \downarrow$	X	X	$\angle I_T$
$A_3 \searrow$	$\downarrow$		$\downarrow$	$\downarrow$	$A_3$
$X_2$	N	B, c	N	B	$\leftarrow$
$\rightarrow$	B, $\underline{c}$		B, $\underline{c}$	, c	g
$X_2$	N	NB	N	N	$\leftarrow$
$\rightarrow$	B, $\underline{c}$	, c	B, $\underline{c}$	B, $\underline{c}$	a
$X_2$	B	B, c	B	B	$\leftarrow$
$\rightarrow$	, c		, c	, c	c
$X_2$	N	NB	B	B	$\leftarrow t$
$\rightarrow$	B, $\underline{c}$	, c	, c	, c	
IV	t	c $\uparrow$	a	g	$\nwarrow$
$\nearrow_{TA3}$	$\uparrow$		$\uparrow$	$\uparrow$	$\Pi_{TA3}$

Из таблицы 3 видно, что существует полное соответствие (9) и (10) аминокислот с понятиями «с» и «Nc» по  $X_1X_2$  нуклеотидов.

В работах [6, 7] даны и другие соотношения симметрии параметров аминокислот и их связь с параметрами нуклеотидов.

**V. Грамматическая структура массограммы.** Строится на основе симметрии малых двоичных позиционных кодов при  $1 \leq n \leq 3$  параметров  $P_i - P_n$  и  $H_2 - H_3$  кодонов вида  $S_{(P_i-P_n)}$  и  $S_{(H_2-H_3)}$  [6, 7] (см. табл. 4)

Таблица 4

S (Pi- P) S <sub>(Pi- Pu)</sub>		← ↑	← ↑	← ↑	← ↑	← ↑	← ↑	← ↑	← ↑
P i - Pu		0 01 ↓	1 00 ↓	0 11 ↓	1 10 ↓	0 00 ↓	10 1 ↓	0 10 ↓	1 11 ↓
S (H2- H3) ↓	2- H3 ↓	0x ↓	↓	↓	↓	1x ↓	↓	↓	↓
1 ←	11 → x/1	c cg 9 61 ↓ 0 →	g cc 9 61   40 ▶ 0 ↓	c gg 1 001 40 0 →	g gc 1 001 0 ↓	c cc 9 21   80   ▶ 30   ▼	g g 10 01 ◀ 80 30	c gc ↑ 9 61   80   ▶ 30   ▼	g gg 1 041 ◀ 80 3
1 ←	10 →	0 → t ca 9 61  15  ▼	0 ↑ a ct 9 61  25  ▽	0 → t ga 1 001 25	0 ↑ a gt 1 001 15 ▼	30 ▲ t ct 951   20   ▶ ▼	30 ▲ ac a 97 1 ◀ 20	30 ▲ t gt 9 91   20   ▶ ▼	3 ▲ a ga 1 011 ◀ 20
1 ←	01 →	▲ 15 c tg 976 ↓ 0 →	25   ▽ g tc 9 76   10   ▶	25 c ag 9 86 0 →	▲ 15   g ac 986 ↓ 0 ↓	▲ tc 9 36   80   ▶ 30   ▼	g c 16 ◀ 80 30	▲ c 10 ac 9 46   80   ▶ 30   ▼	g ag 1 026 8 0 30 ▼
1 ←	00 →	0 → t ta 9 76	0 ↓ a tt 9 76   10   ▶	0 → t aa 9 86 ◀ 10	0 ↓ a at 9 86	0 ▲ t tt 9 66   20   ▶	30 ▲ at a 98 6 ◀ 20	0 ▲ t at ↑ 9 76   20   ▶	3 ▲ a aa 9 96 ◀ 20

Продолжение таблицы 4

← 0	10	cca	ct	g	c	g	c	gc	c	g
→	9	986	ga	gt	1	9	a	98	gt	ga
$M_{X0}$		46	976	30	016	36	6	76	76	026
		30	30	30	30	50	50	50	50	50
		30	0	30	0	40		40	40	40
		0	0	0	0	0	0	0	0	0
← 0	11	0	0	0	0	0	0	0	0	0
→	3	30	0	30	30	cc	t	ac	0	0
	3	0	30	0	30	9	g	98	gc	gg
	0	0	30	30	30	36	6	76	76	026
	t	acc	30	tgg	30	50	50	50	50	50
	cg	9	016	agc	986	40		40	40	40
	76									
← 0	00	ta	tt	aa	at	tt	c	gta	c	g
→	9	91	91	71	001	51	9	10	at	aa
	61	30	30	30	30	50	01	61	61	011
	30	30	30	30	30	50	50	50	50	50
	30	0	0	30	0	10		10	10	10
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
← 0	01	0	0	0	0	0	0	0	0	0
→	3	30	0	30	30	tc	t	atg	0	0
	3	0	30	0	30	9	▲	1001	ac	ag
	0	0	30	30	30	51	50	61	61	011
	t	tg	30	a	30	50		50	50	50
	9	91	016	ag	71	10	10	10	10	10

Краткий анализ массогаммы:

1. Содержатся 4-ре подматрицы  $4 \times 4$   $M_{00}$ ,  $M_{01}$ ,  $M_{10}$  и  $M_{11}$  в соответствии с  $S_{(P_1-P_0)}$  и  $S_{(H_2-H_3)}$ .
2. Матрица  $M_{01}$  содержит 4-ре подматрицы  $2 \times 2$  равных масс.
3. Матрица  $M_{00}$  имеет ячейки равных масс по диагонали.
4. Матрица  $M_{10}$  содержит пары ячеек равных масс по вертикали.
5. Матрица  $M_{11}$  не содержит ячеек равных масс.
6. В работах [6, 7] даны и другие соотношения масс кодонов, их симметрии в связи с симметрией кодов параметров нуклеотидов.
7. Ячейки равенств и разностей масс указаны разными видами стрелок  $\downarrow \rightarrow \blacktriangleright \blacktriangleleft \searrow \swarrow$ .

**VI. Квант массы и комбинаторные соотношения.** Из анализа массогаммы с  $X_1X_2X_3$  и других таблиц  $X_1X_2$  показан минимальный квант массы формирования параметров нуклеотидов:

$$m^0 = 5\text{Da}. \quad (11)$$

8. Приращения масс нуклеотидов в связи с их параметрами:

$$\begin{aligned} P_i &\sim m_{P_i} = 5\text{Da} = m^0; \\ P_u &\sim m_{P_u} = 10\text{Da} = 2m^0; \\ H &\sim m_H = 15\text{Da} = 3m^0. \end{aligned} \quad (12)$$

В этом случае, арифметические выражения формирования масс нуклеотидов, будут иметь вид:

$$\begin{aligned} m_c &= 307\text{Da}; \\ m_t &= m_c + m_H = m_c + 3m^0 = (307 + 15)\text{Da} = 322\text{Da}; \\ m_a &= m_c + m_H + m_{P_u} = m_c + 3m^0 + 2m^0 = (307 + 15 + 10)\text{Da} = 332\text{Da}; \\ m_g &= m_c + 2m_H + m_{P_u} = m_c + 6m^0 + 2m^0 = (307 + 30 + 10)\text{Da} = 347\text{Da}. \end{aligned} \quad (13)$$

При суммах масс пар комплементарных нуклеотидов:

$$\begin{aligned} m_c + m_g &= 2m_c + 6m^0 + 2m^0 = [2m_c + 8m^0] = M_0; \\ m_t + m_a &= 2m_c + 6m^0 + 2m^0 = [2m_c + 8m^0] = M_0. \end{aligned} \quad (14)$$

Массу базового нуклеотида  $c$ , можем записать как:

$$m_c = m^* + 3m_H + m_{P_i} + 1\text{Da} = m^* + 9m^0 + m^0 + 1\text{Da} = [(256 + 45 + 5) + 1]\text{Da} = 307\text{Da}, \quad (15)$$

тогда:  $m^* = 256\text{Da} = 2^8\text{Da}$ , где,  $m^*$  - константа массы взаимосвязи нуклеотидов в РНК и ДНК.

В связи с предельно малым местом, отведенным для публикации, предельно кратко отметим разделы, представленные в [6, 7], где показано: существование комбинаторных взаимосвязей масс пар и троек нуклеотидов кодограммы и массогаммы; существование диагональной симметрии дислокации **B** и **NB**, больших  $\sim B$ , средних  $\sim C$  и малых  $\sim M$  аминокислот в массогаммах; существование и принципы построения информационной многослойности и коррекции **мРНК** на базе инверсных равенств-соответствия симметрии; частотные свойства нуклеотидов и принципы «свертки» ДНК на базе их информационных слоев, многие другие взаимосвязи из которых следует вывод: живая природа создана искусственно на базе строгих наук миллиарда летней давности.

#### Список литературы / References:

1. Watson J.D., Crick F.H. A structure for deoxyribose nucleic acid. *Nature*, 1953, vol. 171, pp. 737-738.
2. Р. Беллмана *Математические проблемы в биологии*. М.: Мир, 1966, 278 с. [R.Bellmana *Mathematical problems in biology*. М.: Mir, 1966, 278 p. (In Russ.)]
3. Свижеров Ю.М., Пасеков В.П. *Основы математической генетики*. М.: Наука, 1982, 511 с. [Svizherev J.M., Pasekov V.P. *Basis of of the mathematical genetics*. М.: Nauka, 1982, 511 p. (In Russ.)]
4. Ратнер В.А. Генетический код как система. *Соросовский образовательный журнал*, 2000, № 3. [Ratner V.A. Genetic code as a system. *Sorosovsky educational magazine*, 2000, no. 3 (In Russ.)]
5. Эйнгорин М.Я Основы кодирования и управления в молекулярной биологии. Нижний Новгород, 2001, 116 с., ISBN 5-7032-0390-2. [Ejngorin M.Ja. Bases of coding and management in molecular biology. Nizhniy Novgorod, 2001, 116 p., ISBN 5-7032-0390-2 (In Russ.)]
6. Эйнгорин М.Я. *Математика и модели грамматик генетических структур живых систем*. Нижний Новгород, 2014, 524 с., ISBN 978-5-990-4043-1-1. [Ejngorin M.Ja. Mathematics and models of grammars genetic structures of live systems. Nizhniy Novgorod, 2014, 524 p., ISBN 978-5-990-4043-1-1 (In Russ.)]
7. Эйнгорин М.Я. Основам синтеза структур нуклеотидов, грамматик и генов живых систем. Нижний Новгород, 2017, 176 с., ISBN 978-5-990-4043-2-8. [M.J.Ejngorin «to Bases of synthesis of structures nucleotides, grummetts and genes of live systems», Nizhniy Novgorod, 2017, C-176, ISBN 978-5-990-4043-2-8 (In Russ.)]