

## MODELANDO LA CELULA MATEMATICA CON $e$

© Por Javier Amaru Ruiz García

*El Teorema Tricotómico*

$$\sum_{n>0}^{\infty} n + (n + 1) + (n + 2)(c) = \prod_{n>0}^{\infty} n(n + 1)(n + 2)$$

$$\sum_{n>0}^{\infty} n + (n + 1) + (n + 2) = B \quad \prod_{n>0}^{\infty} n(n + 1)(n + 2) = C$$

$$C \div B = Y \quad y/3e = Z \quad B - Z = X$$

**GENOMICA MADN**

**Doble Helice**

$Z \leftrightarrow X$  Desde  $n1$  a  $n72 (+1)$

**PROTEOMICA MARN**

**Media Helice**

$Z \leftrightarrow X$  Desde  $n73$  a  $n^{\infty} (-0)$

*Modelando primos de Mersenne con  $e$  &  $P_j$*

$e = 2,718281828459045235360287471352662497757 \dots$

$$\left(\frac{2^P - 1}{P_j}\right) \times 2^{(29-P)} = e \quad \text{When } P \leq 29$$

$$\left(\frac{2^P - 1}{P_j}\right) \div 2^{(P-29)} = e \quad \text{When } P \geq 29$$

$P_j = 197503771$       NOTE:  $P_j = \text{JARDIEL'S PRIME}$

**Teorema de la Yupana y Teoría de los Biotermiones**



$\mathbb{N}$  = Conjunto de números naturales

Y = Sistema celular de la Yupana

GC = Código Genético

La Célula Matemática fue comprobada por José Luis Laura Huanca

3/5/14

*Teoría de la Supervivencia del más Inteligente*

# LA CONQUISTA DE LA CELULA

© 3 de Junio del 2014

---

**Modelando la Célula Matemática con la Constante de Euler e**

Javier Ruiz García

Universidad UNIFRANZ, La Paz, Bolivia

Conferencias de Ingeniería de Sistemas

---

**Tesis:**

El análisis teórico de las proposiciones matemáticas y las relaciones de la molécula que constituye el ADN explica que el ADN es una exitosa molécula para la computación [1]. A este respecto y en base a los principios de la biología molecular, hemos propuesto un modelo matemático derivado del Teorema Tricotómico [2], (reforzado con el sistema matemático de la Yupana). Propuesta que es una abstracción relevante y extensible con el fin de demostrar, el por qué las moléculas del ADN son precisas para procesar la información tanto lógica como química. También nuestro modelo, postula y demuestra que la constante de Euler ( $e$ ) se encuentra codificada entre los segmentos helicoidales del ADN viral y que está compuesta de números primos [3]. En ese sentido, vamos a explicar en detalle cómo la constante de Euler, modula la longitud y amplitud de la molécula del ADN. En otras palabras, la célula matemática representa a una célula biológica genómica y proteómica, incluido con secuencias de ADN matemáticos y en este marco teórico, se transcriben en secuencias de ARN, semejando la primera etapa en la fabricación de proteínas lógicas. Es relevante capturar la propiedad esencial de cualquier fenómeno, en este caso, el teorema Tricotómico, ofrece el mejor marco conceptual y matemático con el fin de desarrollar una molécula lógica, también las matemáticas analizados a través de los números primos de Mersenne [4] y la importancia del descubrimiento de que la constante matemática de Euler se encuentra codificada dentro de la molécula del ADN, demuestra que los números son la base de todo lo que existe, incluso de la biología molecular.

**Palabras clave:** célula matemática, números primos, primos de Mersenne, constante de Euler, biología celular, ADN, genómica, proteómica, constante de Jardiel

**Introducción:** El presente modelo matemático fue desarrollado para superar las barreras que impiden la modelización virtual en la biología celular, así también, para solventar la falta de herramientas para realizar modelado estándar y las cuales son necesarias para reproducir los resultados del modelo. Estamos confiados que nuestro modelo permitirá a los biólogos construir modelos computacionales a gran escala, realizar simulaciones y visualizar los resultados de tal simulación de una manera que permitirá la comparación directa con los experimentos. También es importante mencionar que nuestro modelo celular deriva de un antiguo modelo de la biología matemática Incaica y anteriormente Tiwanakota, conocido como el sistema matemático y celular de la Yupana [5].



Figura. 1. Una representación del siglo 16 de un indígena sudamericano agarrando un Quipus, o sistema de cuerdas anudadas y el sistema celular de la Yupana (Inca ábaco) mostrado a la izquierda de la imagen central. Note el gran parecido de los quipus anudados con el esquema de codificación del ARN (derecha), así como la similitud del sistema de la Yupana con el diagrama del ADN (izquierda). Es importante destacar que el antiguo sistema Yupana es de doble cadena, ¿por mera coincidencia? Así también, tiene valores numéricos asignados a sus terminales 5' y 3', del mismo modo que se descubrió, lo tienen las terminales químicas con 5 y 3 cadenas de hidrogeno y las cuales determinan la dirección de la lectura. En otras palabras, los ribosomas, leen a partir de la terminal 5 hacia la terminal 3, para determinar el inicio de la lectura

### 1.1. La dimensión de los números transiciono de fase al mundo biológico a través del primordial ARN vía el sistema matemático y celular de la Yupana

Suponemos que después de que el mundo inorgánico se fusionó con el mundo orgánico, la célula primordial desarrolló un dispositivo de reconocimiento de información lógico que controla el flujo de información numérica (matemática) dentro y fuera de las células. A este respecto sospechamos que tal dispositivo lógico, evolucionó en la moderna bio - máquina molecular conocida como el complejo poroso nuclear [6] - un dispositivo de reconocimiento de información - y para controlar el flujo de información química dentro y fuera de las células.

### 1.2. Propuesta de Mecanismo

Nuestro modelo - que utiliza la Teoría de Codonización de los canales de comunicación lógicos - sugiere que el código genético se originó como resultado de la interacción de dos mundos evolutivos en conflicto:

A) El mundo biológico sus necesidades para obtener diversos aminoácidos, con un costo mínimo de recursos, tolerancia al error y lo más importante, bastante tiempo para alcanzar todas esas necesidades.

B) El mundo lógico y sus desesperadas necesidades de regulación y de transición de fase al mundo biológico (orgánico).

La descripción del código primal como un canal de información lógico [7] nos permite identificar matemáticamente la aptitud del código y localizar su aparición en las respectivas transiciones de fase específicas. Por ejemplo: En una transición de fase de primer orden cuando los números entraron al mundo biológico a través de una combinación de un mecanismo lógico/físico, lo que dio lugar a una transición de fase de

segundo orden cuando el mapeo de los codones a los aminoácidos, se convierte en no aleatorio.

Suponemos que las plantillas numéricas del conjunto de números naturales, fase transición al mundo celular donde existió el primer ARN, a través de un dispositivo lógico y más tarde se convirtió en el complejo del poroso nuclear moderno. Por lo tanto, la aparición del código genético podría ser sólo un subproducto con respecto a la aparición del código numérico en el mundo orgánico.

### **2.1. Modelación cuantitativa**

Recientemente, ha habido un aumento en el número de estudios pioneros combinando experimentos con modelos cuantitativos [8] para explicar cómo operan los módulos, relativamente simples, de la maquinaria molecular y para hacer comprensible todo el sistema de redes celulares. Aquí discutimos la utilidad y los métodos de elaboración de modelos y para ello, revisamos varios modelos actuales de la modelación celular y es importante mencionar que cuanto más sistemático el modelo, más fácil se hace entender el comportamiento de las células. En ese sentido y por su importancia, se puede decir que está naciendo una nueva teoría y esta es la Teoría de la modelación celular y molecular.

La física, la química y las matemáticas también nos han enseñado que, si bien el comportamiento a gran escala es a menudo contradictorio y sorprendente, no es necesariamente impredecible, siempre y cuando uno logre emplear un modelo cuantitativo apropiado y apoyado por un conjunto de ecuaciones matemáticas o un programa computarizado adecuado para Bio informática.

### **2.2. Las redes complejas**

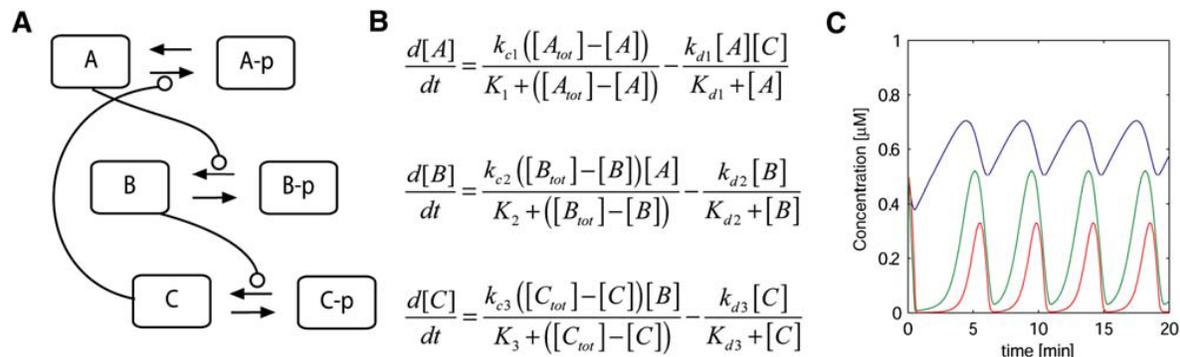
Comprender cómo se comporta la escala celular y como son las acciones moleculares es extremadamente difícil debido a la gran cantidad de diferentes tipos de moléculas que interactúan en complejas redes. Otra gran dificultad es que los sistemas biológicos celulares consisten de miles de moléculas y por lo tanto no son tan microscópicos, pero tampoco son macroscópicos, generalmente las fluctuaciones de las cantidades químicas o físicas en la célula, son comparables en magnitud a los valores promedios de tales cantidades. Finalmente, la elección de los métodos para modelación celular, depende de la escala y el propósito del modelo. Por ejemplo: los métodos estadísticos de la bioinformática son útiles para la identificación de lugares de unión del promotor; los modelos de interacción redes de proteínas son buenos para la identificación de todos los genes implicados en una determinada función.

Un modelo matemático simple puede ser usado como una hipótesis cuantitativa para su análisis en futuros experimentos. El modelado tradicional es un arte que consiste en abstraer un sistema más sencillo, como una caricatura, en lugar de una fotografía del sistema biológico real.

Hoy están de moda nuevos experimentos informáticos complejos y análisis a nivel de sistema, pero los modelos matemáticos simples permanecen útiles para una agenda reduccionista y para estudiar módulos a escala de vastas redes celulares y con ellos se conocen algunos detalles sobre los procesos reales en vivo que son difíciles de entender debido a numerosas suposiciones sobre la naturaleza de las no linealidades y los valores de los parámetros.

### 2.3. Los modelos matemáticos

Los modelos matemáticos [9] no son diferentes de otras metodologías científicas. Al igual que en la biología experimental, el paso importante es identificar un problema importante que podría beneficiarse con el modelado. Los datos son necesarios para que el modelo logre aproximarse a la realidad. Cuando se desarrolla un modelo matemático, a menudo es posible entenderlo de una forma intuitiva y matemáticamente los modelos más simples surgen cuando se busca una dependencia funcional de lo observable. En varios casos, muchos modelos dependen de la aplicación de ecuaciones algebraicas.



**Figura 2.** Ejemplo de una red bioquímica analizada con simples (EDOs) Ecuaciones Diferenciales Ordinarias. Un modelo de una red bioquímica simple, comprende de tres proteínas. Cada hipotética proteína puede estar en uno de dos estados, fosforilada y no fosforilada. La red incluye tres interacciones de retroalimentación (curvas con círculos en sus extremos representan la activación de las reacciones respectivas) entre las diferentes proteínas. Incluso con esta red simplificada que contiene tan solo tres proteínas, es difícil de predecir cuál será el comportamiento de la red. El diseño de la red (A) se implementa como un modelo matemático utilizando ecuaciones diferenciales ordinarias con expresiones de Michaelis-Menten para todas las reacciones (B). Los resultados de las simulaciones se muestran en (C). Una descripción más detallada de este modelo, que es una versión simplificada del modelo de reloj biológico.

### 2.4. Los Modelos de Sistemas Dinámicos

Los Modelos de sistemas dinámicos son útiles, no sólo cuando la dinámica biológica es compleja, pero incluso cuando el sistema es matemáticamente sencillo, eso ocurre cuando se observa un estado de equilibrio estable simple. El uso de un modelo matemático explícito en lugar de hipótesis simplifica los parámetros y ayuda a los investigadores para que logren comprender que cuando la cinética es muy rápida no se puede distinguir la difusión, lo cual sugiere que la proteína de unión al ADN podría realizar una efectiva difusión unidimensional a lo largo del filamento del ADN, en lugar de una difusión en tres dimensiones en la totalidad del volumen nuclear.

Generaciones cada vez más complejas de modelos pueden ser utilizados para comprender las redes celulares como sistemas de modelización Otro logro espectacular es el reciente

desarrollo del modelo matemático del ciclo celular de la levadura (Chen et al., 2004 ), un gran éxito de la biología matemática. Este modelo hizo la transición del reduccionismo a la síntesis mediante la integración de módulos matemáticos con modelos experimentales. Característicamente, los primeros modelos simples del ciclo celular fueron los más populares entre los biólogos matemáticos pero fueron totalmente ignorados por los biólogos moleculares experimentales, los cuales no los querían tomar en serio, porque faltaban muchos componentes conocidos del mecanismo de control. Esta dicotomía es una de las barreras para el modelado matemático en la biología experimental y tal vez la única solución es el desarrollo de modelos simples y con diferentes escalas de modelado. Con el uso de decenas de ecuaciones y de parámetros cinéticos, los modelos modernos acortan la brecha entre la caricatura y representaciones matemáticas, acortar el gran número de parámetros estimados no significa necesariamente que el modelo es lo suficientemente flexible como para generar cualquier tipo de resultado.

La forma específica de las mismas ecuaciones restringe el posible resultado. Sin embargo, en el futuro, diferentes combinaciones de parámetros tendrán que ser probados de manera sistemática a fin de que los modelos logren ser verdaderamente predictivos. Recientemente, una serie de investigadores comenzó a hacer progresos prometedores en esta dirección mediante el uso de algoritmos de optimización genéticos y estocásticos para explorar automáticamente todo el espectro de parámetros del modelo.

### 3.1. Los números primos y la constante e codificados en la molécula del ADN

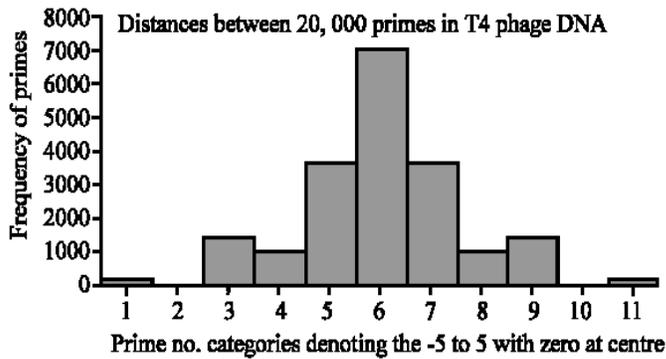
Un número primo es un número mayor que uno que no se puede expresar como el producto de dos números naturales más pequeños. Los números primos han demostrado tener aplicaciones importantes en la naturaleza, como se muestra por el ciclo de vida de las cicadas del género *Magicicadas* [10] Muchos estudios tratan de demostrar que los números primos se encuentran codificados en la molécula de ADN . El siguiente estudio investigó las distancias entre los números primos [11] generados a partir de nucleótidos de un segmento del bacteriófago T4 genoma. Los dígitos de la constante matemática de Euler e, fueron descubiertos codificados espacialmente entre los segmentos helicoidales de ADN viral y se logro determinar que el ADN está compuesto de números primos.

**Tabla 1**

e	e <sub>1</sub>	e <sub>2</sub>	e <sub>3</sub>	e <sub>4</sub>	e <sub>5</sub>	e <sub>6</sub>	e <sub>7</sub>	e <sub>8</sub>	e <sub>9</sub>	e <sub>10</sub>	e <sub>11</sub>	e <sub>12</sub>
2	26	170	270	410	620	702	780	896	1014	1173	1401	1571
7	35	175	280	428	630	714	789	915	1032	1174	1419	1575
1	36	183	281	431	633	723	814	921	1039	1178	1420	1579
8	69	196	293	571	635	731	865	929	1047	1191	1427	1589
2	90	202	300	572	650	735	866	931	1049	1204	1466	1594
8	103	222	308	585	661	750	867	955	1080	1205	1479	1621
1	105	225	320	593	662	753	879	959	1082	1208	1484	1623
8	122	258	348	595	686	758	881	995	1135	1338	1522	1635
2	130	261	351	613	687	760	885	1003	1136	1354	1526	1636
8	168	265	378	619	700	776	890	1007	1161	1398	1559	1642

Observe que la constante de Euler e norma la distribución y la frecuencia de los números primos y esta constante esta demostrada al lado izquierdo de la Tabla 1 en formato horizontal 2 , 7 1 8 2 8 1 8 2 8. Nota: La constante e es un numero irracional, es decir es decimal al infinito.

La Tabla 1 de arriba y el histograma de la izquierda, demuestran que la distribución de las



frecuencias relacionadas a la distancia entre números primos en el ADN del bacteriófago T4 genoma. Los números corresponden a cada base de cada nucleótido del segmento helicoidal del ADN, el cual comprende de diez bases (Weaver 2005) se estudiaron y se contaron números primos presentes como números de

nucleótidos y fueron los primos 2, 3, 5 y 7 y se investigó las distancias entre ellos en 20.000 muestras y demostraron tal postulado.

**3.2. El teorema Tricotómico: El producto y la adición de tres números consecutivos es siempre un múltiplo de 3.**

La propiedad Tricotómica de los números surge de la lógica matemática y deductiva mediante el cual se divide el conjunto de números naturales N en tres sub conjuntos hasta el infinito. Se puede demostrar mediante las fórmulas 1 y 2, que tanto "el producto y la adición de tres números consecutivos es siempre un múltiplo de 3"

**Fórmula 1**  $n (n + 1) (n + 2) = P$  Nota: P es igual a su producto

**Fórmula 2**  $n + (n + 1) + (n + 2) = A$  Nota: A es igual a su suma

Podemos establecer una relación matemática en la que:  
 $n (n + 1) (n + 2) (c) = n + (n + 1) + (n + 2)$  Nota: C es igual a P/A

Esta demostración matemática es fundamental para "El teorema Tricotómico". El cual afirma que el producto y suma de tres números consecutivos es siempre un múltiplo de 3. Por lo tanto, los subgrupos (tripletes) del producto y suma de tres números consecutivos comparten la misma suma digital. La importancia del teorema tricotómico, es que fácilmente puede extrapolarse al código genético, con la siguiente afirmación: el producto y suma (productos químicos), de 3 codones consecutivos es siempre un múltiplo de 3. Por lo tanto, todos los subgrupos (tripletes) del producto y suma de tres codones consecutivos comparten las mismas sumas estereoquímicas (principios).

El teorema también se lo puede representar con una llave dorada moderna.

$$\sum_{n>0}^{\infty} n + (n + 1) + (n + 2) (c) = \prod_{n>0}^{\infty} n(n + 1)(n + 2)$$

Hemos llamado a esta equivalencia como la Llave Dorada Codónica, porque es similar a la llave dorada de Euler, la cual demuestra que la suma de números enteros es igual al

producto de números primos (la cantidad de números de la serie N es siempre mayor que el conjunto de números primos). Por lo tanto, la Llave Dorada Codónica se puede extrapolar al mundo orgánico y afirmar que la suma de elementos lógicos (tripletes) es igual al producto de elementos químicos (tripletes).

En otras palabras, el mundo orgánico requiere de una llave dorada para sincronizar con el tiempo (con la tasa de evolución). Suponemos que algunos elementos lógicos podrían estar relacionados con el código genético, por tanto en el nivel orgánico deben ser regulados por adición. Sin embargo, los elementos químicos, que son más lentos en comparación con los elementos lógicos, deben ser regulados por multiplicación para que ambos logren sincronizar con el tiempo y la tasa de evolución.

### 3.3. Introducción a la computación molecular

La computación molecular fue totalmente derivada del sistema celular de la Yupana [12] y está orientada hacia el desarrollo de un nuevo tipo de tecnología informática, las que entre las tareas informáticas específicas, también se la utiliza para determinar efectivamente el nucleótido específico y la posición del codón a lo largo de un cromosoma. Estudios recientes de la estructura matemática de la Yupana (ábaco inca) revelan una relación isomórfica entre la Yupana y el código genético.

2 CCC Pro	1 UUU Phe	4 CUC Leu	3 UCU Ser	6 CGC Arg	5 UAU Tyr	8 CAC His	7 UGU Cys
64 GGG Gly	63 AAA Lys	62 GAG Glu	61 AGA Arg	60 GCG Ala	59 AUA Ile	58 GUG Val	57 ACA Thr
10 CCU Pro	9 UUC Phe	12 CUU Leu	11 UCC Ser	14 CGU Arg	13 UAC Tyr	16 CAU His	15 UGC Cys
56 GGA Gly	55 AAG Lys	54 GAA Glu	53 AGG Arg	52 GCA Ala	51 AUG Met	50 GUA Val	49 ACG Thr
18 CCG Pro	17 UUA Leu	20 CUG Leu	19 UCA Ser	22 CGG Arg	21 UAA Stop	24 CAG Gln	23 UGA Stop
48 GGC Gly	47 AAU Asn	46 GAC Asp	45 AGU Ser	44 GCC Ala	43 AUU Ile	42 GUC Val	41 ACU Thr
26 CCA Pro	25 UUG Leu	28 CUA Leu	27 UCG Ser	30 CGA Arg	29 UAG Stop	32 CAA Gln	31 UGG Trp
40 GGU Gly	39 AAC Asn	38 GAU Asp	37 AGC Ser	36 GCU Ala	35 AUC Ile	34 GUU Val	33 ACC Thr

Tabla de la Génesis del ADN

### **3.4. La estructura y la dinámica de los codones biomoleculares derivados de la Tabla del Génesis del ADN**

Los 64 codones que describen los 64 aminoácidos, están correlacionados en la matriz anterior titulada La Tabla de la Génesis del ADN [13], con 64 números básicos, desde 1 al 64. Los pares diploides polarizados fueron dispuestos en formato de una matriz de 8x8, que también puede ser subdividido en sub matrices 4x4 y 2x2. Observe que el codón 1 está polarizado con el codón 64 y representa su anticodón, el codón 3 está polarizado con el anticodón 62, el codón 2 se polariza con el anticodón 63, el codón 15 se polariza con el anticodón 50, etc. Observe que los 32 pares (pares polarizados) todos suman 65.

En este estudio, se describe una nueva metodología para extraer características de permutación de las estructuras de codón utilizando un álgebra matricial especial. Para realizar vectores estructurales, que se pueden utilizar de manera eficiente para generar, comparar y clasificar las estructuras de aminoácidos en familias de Bioterniones.

La Tabla de la Génesis del ADN, es un sistema dinámico e indica la cronología reconstruida de los 20 codones con sus pares complementarios, los cuales a su vez también se incluyen con sus pares complementarios o anticodones. Cada grupo de codones de 2x2 derivados de la Tabla de la Génesis del ADN, debe ser reconocido como un Bioternion, haciendo un total de 16 Bioterniones. Nota: En este punto, es importante mencionar que en este estudio, la cronología de los aminoácidos esta relacionada con el codón bajo análisis. Lo que significa que la reconstrucción de los codones no sigue un consenso de orden temporal de los aminoácidos ni la evolución del código de tripletes. En otras palabras, no es dependiente del tiempo, porque tal consenso se lo puede seleccionar y probar matemáticamente.

#### **4.1. Primicia de los Bioterniones:**

La mayoría de los modelos del origen de la vida sugieren nucleótidos desarrollados a partir de compuestos orgánicos disponibles en el medio ambiente. Una variedad de aminoácidos pueden ser producidos en las mismas condiciones que se creía, que existió en los inicios de la Tierra.

Los tipos y la cantidad específica de aminoácidos producidos, dependían de las condiciones que prevalecían en el momento de la síntesis, lo cual sigue siendo controversial. Vamos a discutir algunos posibles mecanismos lógicos que indiquen como se seleccionó y evoluciono el moderno conjunto de los 20 aminoácidos. Sin embargo, en este caso se supone que una cierta clase de álgebra cromática y lógica matemática ha existido desde el origen de la química prebiótica.

En este estudio los Bioterniones [14] de modo similar a los cuaterniones [15], son miembros de una álgebra conmutativa (cromosómica) no molecular, que se extrapola de la tabla de la Yupana de codones del ARN y su correspondencia relacionada.

Los Bioterniones son asociativos y forman un grupo denominado el grupo Bioternion. En este estudio, los nucleótidos C, T, G, A también pueden ser implementados como

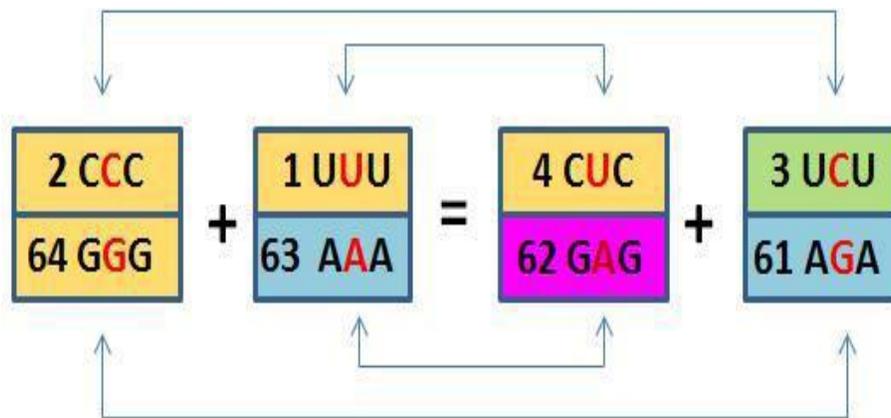
Bioterniones [a, b , c, d]. Una variedad de operaciones matemáticas (extrapoladas de las permutaciones de nucleótidos) se puede explorar en el espacio de los Bioterniones, como ser diploides, triploides y tetraploides. Además operaciones matemáticas como ser: suma, resta, recíprocos (inverso) y también (bajo ciertas condiciones) se pueden realizar operaciones con matrices comunes (suma, resta, multiplicación, etc.)

A los Bioterniones se los puede representar usando matrices moleculares de 2x2 , 3x3 , 4x4, 8x8, 16x16, .... nxn ,.

#### 4.2. La construcción de la matriz de mutación de puntos

Para utilizar el álgebra lineal para operaciones matemáticas, la generación estructural y clasificación de genes, proteínas, etc., tuvimos que convertir mapas de permutación en tres vectores operativos primarios y es importante mencionar que este tipo de operaciones sólo se aplican, cuando la adición o sustracción son realizado entre pares de diploides, triploides y tetraploides. En otras palabras el mundo molecular es básicamente diploide y tiene algunas propiedades cromáticas y dinámicas, que están relacionados con los algoritmos de diploides especiales como se describe en los siguientes ejemplos:

**Formula 1 [ aaa + bbb = aba + bab ] - mutación de la segunda base.**



**Fig. 3.** Suma horizontal de diploides y además tetraploides como ser: [aaa + bbb = aba + bab]

Observe que la mutación de nucleótidos derivada de la adición que se describe en la figura 3. En cuadro anterior, la transición es en el segundo nucleótido de base (del centro). Todas las permutaciones se destacan en rojo y se asignan desde el primer par de codones, para el tercer par y del segundo par, para el cuarto par consecutivo.

### 4.3. Principios básicos del Álgebra Molecular Bioternionica:

La suma de un par de codones, es igual a un par de codones. La suma de un triplete de codones, es igual a un triplete de codones, la suma de un cuarteto de codones es igual a un cuarteto de codones, etc.

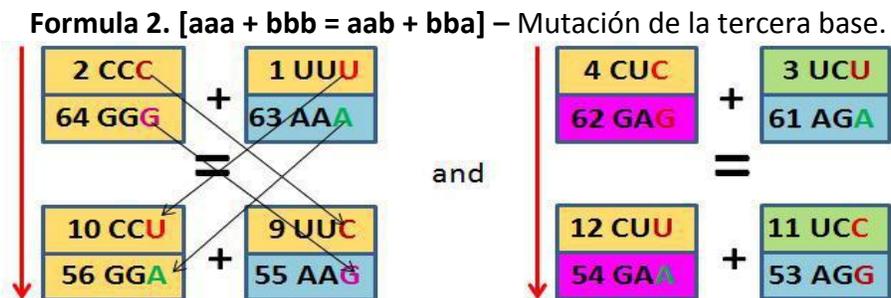
Vamos a enumerar algunos principios relativos a la adición de codones, así como ciertas condiciones. Además su principio básico: La suma de un par de codones, es igual a un par de codones con mutaciones recíprocas desde el segundo o tercer nucleótido.

Condiciones especiales: a) Cuando la adición de codones se lleva a cabo en formatos horizontales y diagonales con respecto a la Tabla del Génesis, donde las mutaciones puntuales de nucleótidos se producen sólo en la segunda base. b) Cuando la adición de codones se realiza en formato vertical, donde las mutaciones puntuales de nucleótidos se producen sólo en la tercera base, etc.

### 4.4. Sustituciones de una sola base

En el entorno molecular real, una sola base, por ejemplo una A, se convierte sustituida por otra base. Sustituciones de una sola base también se llaman mutaciones puntuales. Si una purina [ A o G ] o una pirimidina [ C o U ] se sustituyen una por la otra, la sustitución se denomina una transición. Si una purina se sustituye por una pirimidina o viceversa, la sustitución se llama una transversion.

### 4.5. Operaciones verticales de diploides y tetraploides



**Fig. 4.** Operaciones verticales de diploides y tetraploides como [aaa + bbb = aab + bba]

Tenga en cuenta que las operaciones complementarias se pueden realizar en este sistema (operaciones de suma horizontales y verticales a la vez), con codones resultantes ( aaa + bbb = aba + bab ) a la derecha , así como al mismo tiempo que la suma de codones en la parte inferior tiene resultado de (aaa + bbb = aab + bba).

En el ejemplo de la figura 4, observe que las mutaciones de nucleótidos ocurren en diagonal y las mutaciones puntuales en este nivel se realizan solamente en la tercera base, que se destacan con los colores correspondientes. Las flechas indican la dirección de la operación que corresponde con cada uno de sus pares, por ejemplo: 2 permuta (recíprocamente) con el 9, 1 permuta con el 10, el 64 permuta con el 55, el 63 permuta

con el 56. En el segundo grupo Bioternionico, 4 permuta con el 11, el 3 permuta con el 12, el 62 permuta con el 53 y el 61 permuta con el 54.

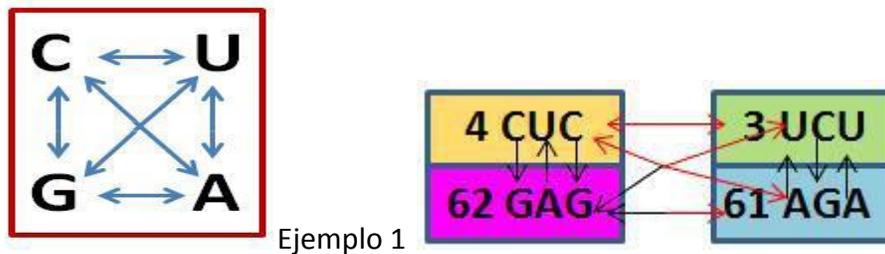
**Fórmula 3** [aaa + bbb = abb + baa] - . Mutación de segunda y tercera base.

**Fórmula 4** [aaa + bbb = baa + abb] - . Mutación de Primera base.

**Formula 5** [aaa + bbb = ccc + ddd] - Permutación de las seis bases por seis bases diferentes

#### 4.6. La fórmula general de Permutación de codones

La siguiente fórmula general de Permutación de codones (sustitución y transverso) describe la dinámica Bioternionica que aplica entre cada grupo y subgrupo relacionado entre sí. Nota: la fórmula de permutación aplica solamente entre los codones agrupados en modo Bioternionico y no aplica entre nucleótidos individuales.



**Fig. 5.**

Mediante los pasos anteriores y a partir de cualquier nucleótido, cada combinación de aminoácido (son 64 en total) puede ser desarrollado a través de mutaciones puntuales o secuencias complementarias como se muestra en el Ejemplo 1. En otras palabras, los nucleótidos individuales tienen propiedades de asignaciones específicas con respecto a la dirección de las mutaciones. En ese sentido, suponemos que es exactamente tal como el sistema de aminoácidos se desarrollo desde la química prebiótica. Las dos flechas horizontales derivadas de la fórmula, indican que se permutan C con U, (también transiciones de T con A) son transiciones horizontales. Las permutaciones verticales tales como C con G y U con A, así como las permutaciones diagonales como C con A y U con G son transiciones verticales y diagonales. Note que mediante la aplicación de los algoritmos de la Tabla de la Génesis del ADN, se pueden predecir o reconstruir, sin embargo varios experimentos biológicos y de laboratorio se deberían realizar con el fin de demostrar dicho postulado.

**Fórmula 6.** Permutaciones horizontales, diagonales y verticales

C ↔ U and G ↔ A = Transitions

C ↔ A and G ↔ U = Transversions

C ↔ G and U ↔ A = Transversions

### 5.1. Reseña histórica con respecto a la reconstrucción de la cronología de los codones

#### El experimento de Miller y Urey

El experimento de Miller y Urey [16] fue un experimento que simula las condiciones que existieron en el mismo momento de la Tierra primitiva, y trata de comprobar la ocurrencia de los orígenes químicos y de la vida. En concreto, el experimento es un intento de comprobar la hipótesis de Alexander Oparin y JBS Haldane, la cual postula que las condiciones en la Tierra primitiva favorecieron las reacciones químicas y las cuales sintetizan compuestos orgánicos a partir de precursores inorgánicos. El mencionado experimento, es considerado un clásico sobre el origen de la vida y se llevó a cabo en 1952 y fue publicado en 1953 por Stanley Miller y Harold Urey en la Universidad de Chicago.

### 5.2. La teoría de Trifonov sobre la cronología de los amino ácidos [17]

Se supone por que en las condiciones primordiales los aminoácidos abióticos que tenían concentraciones más altas en el medio ambiente, fueron los primeros en ser incorporados en el código temprano. El primer experimento de este tipo, indica grandes cantidades detectables de glicina y con eso lo demuestran. Los biólogos también especulan que tal vez, los primeros codones fueron los de glicina y la alanina GGC y GCC respectivamente, por ser estos una combinación complementaria muy estable. "Por lo tanto, a diferencia de lo que muchos creen, incluso los mejores científicos, desde sus orígenes, todo el sistema codones, anti-codones y aminoácidos, se desarrolló poco a poco, es decir a partir de un par, hasta completar los 64 codones"

### 6.1. El modelo celular Matemático

El modelo celular matemático se deriva del Teorema Tricotómico y en este capítulo vamos a explicar en detalle todas sus propiedades a partir del par de fórmulas generales que indican la suma y el producto de los tripletes numéricos.

$$\sum_{n>0}^{\infty} n + (n + 1) + (n + 2) = B \quad \prod_{n>0}^{\infty} n(n + 1)(n + 2) = C$$

Con el fin de modular la célula matemática a continuación:

$$C/B=Y$$

$$Y/3e=Z$$

$$B-Z=X$$

Que en este caso Z y X modulan la célula Matemática con e multiplicado por 3.

GENOMICA MADN Doble Hélice

$$Z \leftrightarrow X \quad \text{Desde } n1 \text{ a la } n72$$

PROTEOMICA MARN Media Hélice

$$Z \leftrightarrow X \quad \text{Desde } n73 \text{ a la } n\infty$$

$$e = 2,718281828459045235360287471352662497757 \dots$$

Es importante explicar en este punto que e modula la amplitud y la longitud del modelo de la célula matemática en Z y X y con tal modulación se logra desarrollar una célula virtual cerrado en  $n72$ , incluida con su propia molécula de ADN matemática.

El termino Genómica significa que a partir de  $n1$  a  $n72$ , la secuencia se parece a una célula virtual cerrada en si misma (con adición positiva en  $Z + X$ ) y el termino Proteómica significa que la secuencia se parece a un ARN virtual abierto hasta el infinito y negativo, incluido con redes de proteínas virtuales.

**Tabla 3 LA CELULA MATEMÁTICA MADRE**

n	C	Y	B	Z1	X1	n	C	Y	B	Z1	X1
	Mult	Diferencia	Sum	8,142857143			Mult	Diferencia	Sum	8,142857143	
1	6	1	6	0,122807018	5,877192982	73	405150	1825	222	224,122807	-2,122807018
2	24	2,6666667	9	0,32748538	8,67251462	74	421800	1874,6667	225	230,2222222	-5,222222222
3	60	5	12	0,614035088	11,38596491	75	438900	1925	228	236,4035088	-8,403508772
4	120	8	15	0,98245614	14,01754386	76	456456	1976	231	242,6666667	-11,66666667
5	210	11,666667	18	1,432748538	16,56725146	77	474474	2027,6667	234	249,0116959	-15,01169591
6	336	16	21	1,964912281	19,03508772	78	492960	2080	237	255,4385965	-18,43859649
7	504	21	24	2,578947368	21,42105263	79	511920	2133	240	261,9473684	-21,94736842
8	720	26,666667	27	3,274853801	23,7251462	80	531360	2186,6667	243	268,5380117	-25,5380117
9	990	33	30	4,052631579	25,94736842	81	551286	2241	246	275,2105263	-29,21052632
10	1320	40	33	4,912280702	28,0877193	82	571704	2296	249	281,9649123	-32,96491228
11	1716	47,666667	36	5,85380117	30,14619883	83	592620	2351,6667	252	288,8011696	-36,80116959
12	2184	56	39	6,877192982	32,12280702	84	614040	2408	255	295,7192982	-40,71929825
13	2730	65	42	7,98245614	34,01754386	85	635970	2465	258	302,7192982	-44,71929825
14	3360	74,666667	45	9,169590643	35,83040936	86	658416	2522,6667	261	309,8011696	-48,80116959
15	4080	85	48	10,43859649	37,56140351	87	681384	2581	264	316,9649123	-52,96491228
16	4896	96	51	11,78947368	39,21052632	88	704880	2640	267	324,2105263	-57,21052632
17	5814	107,66667	54	13,22222222	40,77777778	89	728910	2699,6667	270	331,5380117	-61,5380117
18	6840	120	57	14,73684211	42,26315789	90	753480	2760	273	338,9473684	-65,94736842
19	7980	133	60	16,33333333	43,66666667	91	778596	2821	276	346,4385965	-70,43859649
20	9240	146,66667	63	18,01169591	44,98830409	92	804264	2882,6667	279	354,0116959	-75,01169591
21	10626	161	66	19,77192982	46,22807018	93	830490	2945	282	361,6666667	-79,66666667
22	12144	176	69	21,61403509	47,38596491	94	857280	3008	285	369,4035088	-84,403508772
23	13800	191,66667	72	23,5380117	48,4619883	95	884640	3071,6667	288	377,2222222	-89,22222222
24	15600	208	75	25,54385965	49,45614035	96	912576	3136	291	385,122807	-94,12280702
25	17550	225	78	27,63157895	50,36842105	97	941094	3201	294	393,1052632	-99,10526316
26	19656	242,66667	81	29,80116959	51,19883041	98	970200	3266,6667	297	401,1695906	-104,1695906
27	21924	261	84	32,05263158	51,94736842	99	999900	3333	300	409,3157895	-109,3157895
28	24360	280	87	34,38596491	52,61403509	100	1030200	3400	303	417,5438596	-114,5438596
29	26970	299,66667	90	36,80116959	53,19883041	101	1061106	3467,6667	306	425,8538012	-119,8538012
30	29760	320	93	39,29824561	53,70175439	102	1092624	3536	309	434,245614	-125,245614
31	32736	341	96	41,87719298	54,12280702	103	1124760	3605	312	442,7192982	-130,7192982
32	35904	362,66667	99	44,5380117	54,4619883	104	1157520	3674,6667	315	451,2748538	-136,2748538
33	39270	385	102	47,28070175	54,71929825	105	1190910	3745	318	459,9122807	-141,9122807
34	42840	408	105	50,10526316	54,89473684	106	1224936	3816	321	468,6315789	-147,6315789
35	46620	431,66667	108	53,01169591	54,98830409	107	1259604	3887,6667	324	477,4327485	-153,4327485
36	50616	456	111	56	55	108	1294920	3960	327	486,3157895	-159,3157895
37	54834	481	114	59,07017544	54,92982456	109	1330890	4033	330	495,2807018	-165,2807018
38	59280	506,66667	117	62,22222222	54,77777778	110	1367520	4106,6667	333	504,3274854	-171,3274854
39	63960	533	120	65,45614035	54,54385965	111	1404816	4181	336	513,4561404	-177,4561404
40	68880	560	123	68,77192982	54,22807018	112	1442784	4256	339	522,6666667	-183,6666667
41	74046	587,66667	126	72,16959064	53,83040936	113	1481430	4331,6667	342	531,9590643	-189,9590643
42	79464	616	129	75,64912281	53,35087719	114	1520760	4408	345	541,3333333	-196,3333333
43	85140	645	132	79,21052632	52,78947368	115	1560780	4485	348	550,7894737	-202,7894737
44	91080	674,66667	135	82,85380117	52,14619883	116	1601496	4562,6667	351	560,3274854	-209,3274854
45	97290	705	138	86,57894737	51,42105263	117	1642914	4641	354	569,9473684	-215,9473684
46	103776	736	141	90,38596491	50,61403509	118	1685040	4720	357	579,6491228	-222,6491228
47	110544	767,66667	144	94,2748538	49,7251462	119	1727880	4799,6667	360	589,4327485	-229,4327485
48	117600	800	147	98,24561404	48,75438596	120	1771440	4880	363	599,2982456	-236,2982456
49	124950	833	150	102,2982456	47,70175439	121	1815726	4961	366	609,245614	-243,245614
50	132600	866,66667	153	106,4327485	46,56725146	122	1860744	5042,6667	369	619,2748538	-250,2748538
51	140556	901	156	110,6491228	45,35087719	123	1906500	5125	372	629,3859649	-257,3859649
52	148824	936	159	114,9473684	44,05263158	124	1953000	5208	375	639,5789474	-264,5789474
53	157410	971,66667	162	119,3274854	42,67251462	125	2000250	5291,6667	378	649,8538012	-271,8538012
54	166320	1008	165	123,7894737	41,21052632	126	2048256	5376	381	660,2105263	-279,2105263
55	175560	1045	168	128,3333333	39,66666667	127	2097024	5461	384	670,6491228	-286,6491228
56	185136	1082,6667	171	132,9590643	38,04093567	128	2146560	5546,6667	387	681,1695906	-294,1695906
57	195054	1121	174	137,6666667	36,33333333	129	2196870	5633	390	691,7719298	-301,7719298
58	205320	1160	177	142,4561404	34,54385965	130	2247960	5720	393	702,4561404	-309,4561404
59	215940	1199,6667	180	147,3274854	32,67251462	131	2299836	5807,6667	396	713,2222222	-317,2222222
60	226920	1240	183	152,2807018	30,71929825	132	2352504	5896	399	724,0701754	-325,0701754
61	238266	1281	186	157,3157895	28,68421053	133	2405970	5985	402	735	-333
62	249984	1322,6667	189	162,4327485	26,56725146	134	2460240	6074,6667	405	746,0116959	-341,0116959
63	262080	1365	192	167,6315789	24,36842105	135	2515320	6165	408	757,1052632	-349,1052632
64	274560	1408	195	172,9122807	22,0877193	136	2571216	6256	411	768,2807018	-357,2807018
65	287430	1451,6667	198	178,2748538	19,7251462	137	2627934	6347,6667	414	779,5380117	-365,5380117
66	300696	1496	201	183,7192982	17,28070175	138	2685480	6440	417	790,877193	-373,877193
67	314364	1541	204	189,245614	14,75438596	139	2743860	6533	420	802,2982456	-382,2982456
68	328440	1586,6667	207	194,8538012	12,14619883	140	2803080	6626,6667	423	813,8011696	-390,8011696
69	342930	1633	210	200,5438596	9,456140351	141	2863146	6721	426	825,3859649	-399,3859649
70	357840	1680	213	206,3157895	6,684210526	142	2924064	6816	429	837,0526316	-408,0526316
71	373176	1727,6667	216	212,1695906	3,830409357	143	2985840	6911,6667	432	848,8011696	-416,8011696
72	388944	1776	219	218,1052632	0,894736842	144	3048480	7008	435	860,6315789	-425,6315789
						145	3111990	7105	438	872,5438596	-434,5438596

Esta tabla muestra la supuesta célula madre Matemática, con todas sus propiedades relevantes y que se pueden ver cuando la amplitud en Z1 y X1 se modula con la constante e multiplicada por 3 (en este caso utilizamos una aproximación  $57/7 = 8,142857143$  para que se vea como una célula real en forma de burbuja, además demuestra la propiedad de redundancia de los aminoácidos en la vida real que son solo 21 entre 64 codones).

En la Tabla 3 a la izquierda, observe los cuadros de colores arriba mencionados, que se asemejan a 20 aminoácidos virtuales en formato de triplete, incluyendo un codón de parada, el mismo color significa que los números tienen el mismo decimal.

Por lo tanto y debido a estas propiedades, podemos concluir que la secuencia desde  $n_1$  a  $n_{72}$  es una representación maravillosa de una célula numérica cerrada, incluida con su propia molécula de ADN virtual, además la adición de  $Z_1 + X_1$  en todas sus partes decimales, es siempre igual a 1, por lo tanto toda la secuencia es positiva. Note, que a partir de  $n_{73}$  hasta  $n_{145}$  en la parte derecha de la tabla, que en este caso, se asemeja a la representación numérica de una molécula de ARN matemática y es debido a que sus partes decimales en  $Z_1$  y  $X_1$  son negativas ya que su resta es igual a cero, en toda la serie. Es importante remarcar que la secuencia se vuelve negativo a partir de  $n_{73}$  hasta el infinito (ver las tablas de prueba incluidos en el capítulo siguiente).

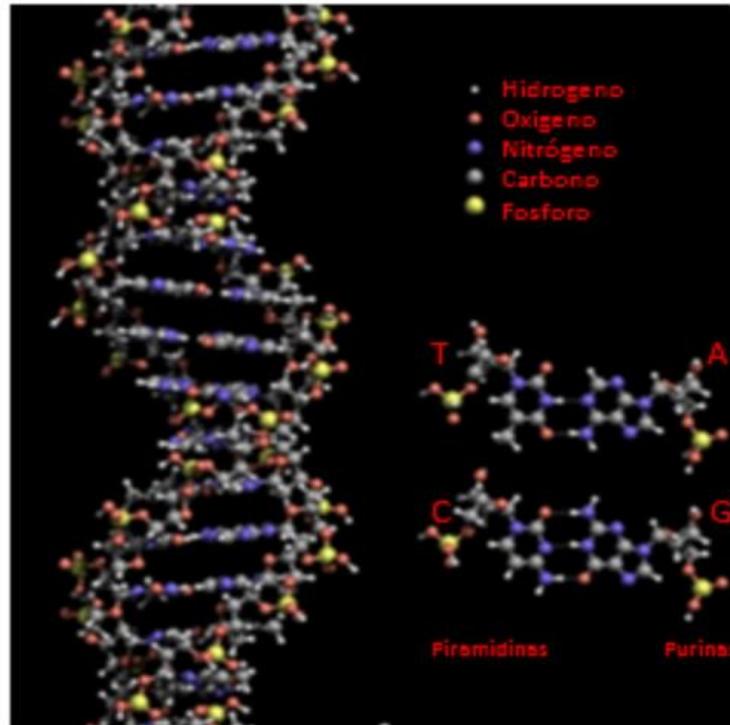
Un modelo matemático complejo sirve para la comprensión sobre el comportamiento de las células y en un sentido podría explicar muchas propiedades compartidas por la molécula biológica, también explica la razón por la cual el ADN es estable y ARN inestable. De igual manera, de manera matemática y lógica, explica otros aspectos importantes de la célula, tales como los ciclos celulares, los parámetros cinéticos y cuantitativos, los procesos multidimensionales, las velocidades de reacción, los comportamientos macroscópicos y microscópicos, algunos mecanismos de jalar y empujar, la formación de redes celulares, etc. Todas las propiedades arriba mencionadas son numéricas y se pueden analizar con un conjunto de ecuaciones diferenciales ordinarias (EDOs) o ecuaciones derivadas parciales (EDPs) y para ser moduladas con constantes numéricas. Por ejemplo, las cifras subrayadas en la serie son los pares numéricos B12 con B87 y B30 con B159 son la representación de una transferencia de doble hélice de  $Z_1$  a  $X_1$  y viceversa.

Otro ejemplo, el modelo matemático imita las redes bioquímicas simples y complejas que van desde 3 proteínas hasta  $n^{64}$ , representado por las sumas digitales de cada triplete en las secuencias de C y B.

## 6.2. La estructura del ADN Biológico

El ADN monocatenario o media hélice (ssDNA) es un polímero fabricado a partir de unidades de repetición llamados nucleótidos. Las repeticiones de nucleótidos contienen ambos, tanto al segmento de la columna vertebral de la molécula, la cual sostiene la cadena y a su base.

El ssDNA tiene asimetrías a lo largo de su columna vertebral, lo cual le da direccionalidad. Los extremos asimétricos de ssDNA se llaman los extremos de primo 5 - y primo 3. Las cuatro bases que se encuentra en el ADN son adenina (abreviado A), citosina ( C ), guanina ( G ), y tiamina ( T ) .



**Figura. 6:** Estructura atómica de una molécula del ADN de doble hélice

Como los enlaces de hidrógeno no son covalentes, pueden romperse y unirse nuevamente con relativa facilidad, como por ejemplo por calentamiento. Los dos tipos de pares de bases forman un número diferente de enlaces de hidrógeno, AT para formar dos enlaces de hidrógeno y GC para formar tres enlaces de hidrógeno. La fuerza de asociación de la hibridación depende de la secuencia de bases complementarias, la estabilidad aumenta con la longitud de la secuencia de ADN y contenido de GC. Esta fuerza de asociación se puede aproximar con diseños de modelado matemáticos o con programas de software.

Sin embargo y volviendo a nuestro modelo celular matemático, denominado la célula madre, podemos anotar que tiene cinco secuencias C, Y, B, Z1 y X1, las cuales pueden ser equivalentes a los cinco átomos que conforman el ADN (hidrógeno, oxígeno, nitrógeno, carbono y fósforo) y en este caso la secuencia n, es equivalente a la columna principal de la molécula del ADN la cual es de azúcar fosforada. Las cuatro bases de la molécula del ADN pueden ser representadas en la celda de matemática con las secuencias C, B, Z1, X1 y Z1 y X1 representan la formación de los dos enlaces de hidrógeno virtuales y las secuencias C, Y y B representan los tres enlaces de hidrógeno virtuales. La siguiente tabla se la denomina la célula hija matemática porque se encierra con 64 tripletes numéricos y se la deriva de la Célula Madre de 72 tripletes.

**Tabla 4 LA CELULA MATEMATICA HIJA**

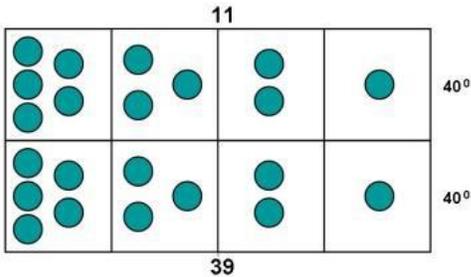
n	C	Y	B	Z1	X1	n	C	Y	B	Z1	X1
	Mult	Diferencia	Sum	7,236845485	2,412281828		Mult	Diferencia	Sum	7,236845485	2,412281828
1	6	1	6	0,138182	5,861818	65	287430	1451,67	198	200,593846	-2,593846
2	24	2,66667	9	0,368485	8,631515	66	300696	1496	201	206,719903	-5,719903
3	60	5	12	0,690909	11,309091	67	314364	1541	204	212,938082	-8,938082
4	120	8	15	1,105454	13,894546	68	328440	1586,67	207	219,248382	-12,248382
5	210	11,6667	18	1,612120	16,387880	69	342930	1633	210	225,650804	-15,650804
6	336	16	21	2,210908	18,789092	70	357840	1680	213	232,145346	-19,145346
7	504	21	24	2,901817	21,098183	71	373176	1727,67	216	238,732010	-22,732010
8	720	26,6667	27	3,684847	23,315153	72	388944	1776	219	245,410794	-26,410794
9	990	33	30	4,559998	25,440002	73	405150	1825	222	252,181700	-30,181700
10	1320	40	33	5,527270	27,472730	74	421800	1874,67	225	259,044727	-34,044727
11	1716	47,6667	36	6,586664	29,413336	75	438900	1925	228	265,999876	-37,999876
12	2184	56	39	7,738178	31,261822	76	456456	1976	231	273,047145	-42,047145
13	2730	65	42	8,981814	33,018186	77	474474	2027,67	234	280,186536	-46,186536
14	3360	74,6667	45	10,317571	34,682429	78	492960	2080	237	287,418048	-50,418048
15	4080	85	48	11,745449	36,254551	79	511920	2133	240	294,741681	-54,741681
16	4896	96	51	13,265448	37,734552	80	531360	2186,67	243	302,157435	-59,157435
17	5814	107,667	54	14,877569	39,122431	81	551286	2241	246	309,665310	-63,665310
18	6840	120	57	16,581810	40,418190	82	571704	2296	249	317,265306	-68,265306
19	7980	133	60	18,378173	41,621827	83	592620	2351,67	252	324,957424	-72,957424
20	9240	146,667	63	20,266657	42,733343	84	614040	2408	255	332,741663	-77,741663
21	10626	161	66	22,247262	43,752738	85	635970	2465	258	340,618023	-82,618023
22	12144	176	69	24,319989	44,680011	86	658416	2522,67	261	348,586504	-87,586504
23	13800	191,667	72	26,484836	45,515164	87	681384	2581	264	356,647106	-92,647106
24	15600	208	75	28,741805	46,258195	88	704880	2640	267	364,799830	-97,799830
25	17550	225	78	31,090895	46,909105	89	728910	2699,67	270	373,044674	-103,044674
26	19656	242,667	81	33,532106	47,467894	90	753480	2760	273	381,381640	-108,381640
27	21924	261	84	36,065438	47,934562	91	778596	2821	276	389,810727	-113,810727
28	24360	280	87	38,690891	48,309109	92	804264	2882,67	279	398,331935	-119,331935
29	26970	299,667	90	41,408466	48,591534	93	830490	2945	282	406,945264	-124,945264
30	29760	320	93	44,218161	48,781839	94	857280	3008	285	415,650715	-130,650715
31	32736	341	96	47,119978	48,880022	95	884640	3071,67	288	424,448287	-136,448287
32	35904	362,667	99	50,113916	48,886084	96	912576	3136	291	433,337979	-142,337979
33	39270	385	102	53,199975	48,800025	97	941094	3201	294	442,319793	-148,319793
34	42840	408	105	56,378155	48,621845	98	970200	3266,67	297	451,393729	-154,393729
35	46620	431,667	108	59,648457	48,351543	99	999900	3333	300	460,559785	-160,559785
36	50616	456	111	63,010880	47,989120	100	1030200	3400	303	469,817962	-166,817962
37	54834	481	114	66,465424	47,534576	101	1061106	3467,67	306	479,168261	-173,168261
38	59280	506,667	117	70,012089	46,987911	102	1092624	3536	309	488,610681	-179,610681
39	63960	533	120	73,650875	46,349125	103	1124760	3605	312	498,145222	-186,145222
40	68880	560	123	77,381782	45,618218	104	1157520	3674,67	315	507,771884	-192,771884
41	74046	587,667	126	81,204811	44,795189	105	1190910	3745	318	517,490667	-199,490667
42	79464	616	129	85,119960	43,880040	106	1224936	3816	321	527,301572	-206,301572
43	85140	645	132	89,127231	42,872769	107	1259604	3887,67	324	537,204598	-213,204598
44	91080	674,667	135	93,226623	41,773377	108	1294920	3960	327	547,199744	-220,199744
45	97290	705	138	97,418136	40,581864	109	1330890	4033	330	557,287012	-227,287012
46	103776	736	141	101,701771	39,298229	110	1367520	4106,67	333	567,466402	-234,466402
47	110544	767,667	144	106,077526	37,922474	111	1404816	4181	336	577,737912	-241,737912
48	117600	800	147	110,545403	36,454597	112	1442784	4256	339	588,101543	-249,101543
49	124950	833	150	115,105401	34,894599	113	1481430	4331,67	342	598,557296	-256,557296
50	132600	866,667	153	119,757520	33,242480	114	1520760	4408	345	609,105170	-264,105170
51	140556	901	156	124,501760	31,498240	115	1560780	4485	348	619,745165	-271,745165
52	148824	936	159	129,338121	29,661879	116	1601496	4562,67	351	630,477281	-279,477281
53	157410	971,667	162	134,266604	27,733396	117	1642914	4641	354	641,301519	-287,301519
54	166320	1008	165	139,287208	25,712792	118	1685040	4720	357	652,217877	-295,217877
55	175560	1045	168	144,399933	23,600067	119	1727880	4799,67	360	663,226357	-303,226357
56	185136	1082,67	171	149,604779	21,395221	120	1771440	4880	363	674,326958	-311,326958
57	195054	1121	174	154,901746	19,098254	121	1815726	4961	366	685,519680	-319,519680
58	205320	1160	177	160,290834	16,709166	122	1860744	5042,67	369	696,804523	-327,804523
59	215940	1199,67	180	165,772044	14,227956	123	1906500	5125	372	708,181487	-336,181487
60	226920	1240	183	171,345375	11,654625	124	1953000	5208	375	719,650573	-344,650573
61	238266	1281	186	177,010826	8,989174	125	2000250	5291,67	378	731,211780	-353,211780
62	249984	1322,67	189	182,768399	6,231601	126	2048256	5376	381	742,865108	-361,865108
63	262080	1365	192	188,618094	3,381906	127	2097024	5461	384	754,610557	-370,610557
64	274560	1408	195	194,559909	0,440091	128	2146560	5546,67	387	766,448127	-379,448127

La supuesta célula hija de la presente tabla, se la modula con  $e 0.306 = 2,412281828$  esto por  $3 = 7,236845485$  y podemos ver que contiene 64 tripletes positivos, los cuales modelan una célula numérica cerrada en 64 y luego se abre a partir del triplete 65 y se convierte en negativa hasta el infinito. Notamos que el punto central en la célula hija es en n32, también comprobamos 21 tripletes que en este caso representan a los 21 codones virtuales. También note en la parte derecha de la tabla, que la secuencia se convierte en negativa después de n65 y desde ahí hasta el infinito.

### 7.1. Primicia de la Yupana - un sistema celular isomorfo al código genético

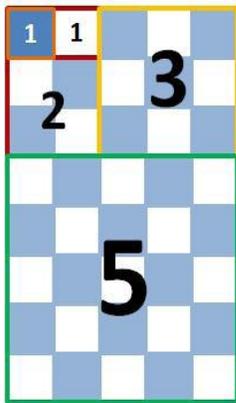
#### Una introducción a la selección lógica

El sistema celular Yupana es un sistema de base 40 de que contiene una matriz simple de células que consisten en dos filas y cuatro columnas.



Las unidades básicas de cuatro celdas (filas superior e inferior), tiene un círculo en las primeras células, dos círculos en el segundo, tres círculos en el tercero y cinco círculos en el cuarto células. La fila superior es lineal  $n^1$  ( $1 + 2 + 3 + 5 = 11$ ) y la fila inferior esta elevada al cuadrado  $n^2$  ( $1^2 + 2^2 + 3^2 + 5^2 = 39$ ). Cualquier célula llena es igual a 1 y cualquier celda vacía es igual a 0, la adición de las ocho celdas llenas representan a sus

correspondientes números como ser 11 en la parte superior y 39 abajo en la parte inferior.



El sistema Yupana sigue la lógica de la secuencia biológica de Fibonacci y por ese y otros motivos más, remarcamos que es isomorfo con el código genético.

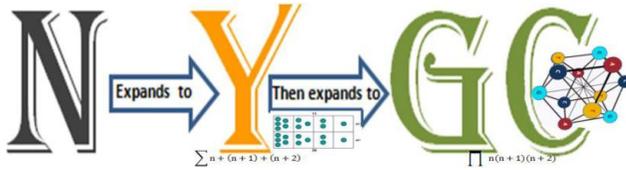
#### Estructura algebraica del Yupana

			A
dddd	ccc	bb	a

$a + b = c$	$b + c = d$	$a + 2b = d$	$a + 3c = 2d$
$a + c = 2b$	$5b = 2d$	$5c = 3d$	$3b = 2c$
$2c = a + d$	$3b = a + d$	$2a = b$	$3a = c$
$5a = d$	$8d = A$		

Según [ <http://matematicaandina.wordpress.com/la-yupana/> ] el sistema matemático de la Yupana fue utilizado por los Incas para resolver diversos cálculos astronómicos y también realizar complejas operaciones matemáticas. Para demostrar la veracidad y poder matemático del sistema matemático de la Yupana, un equipo de investigadores italianos [18] lo postula para un microprocesador moderno usando la base 40. Tal aplicación, utilizando herramientas y métodos prehispánicos, podría llegar a ser más poderosos que los diseños actuales ofrecidos por los microprocesadores modernos.

**Teorema de la Yupana:**



**N = Conjunto de números naturales**

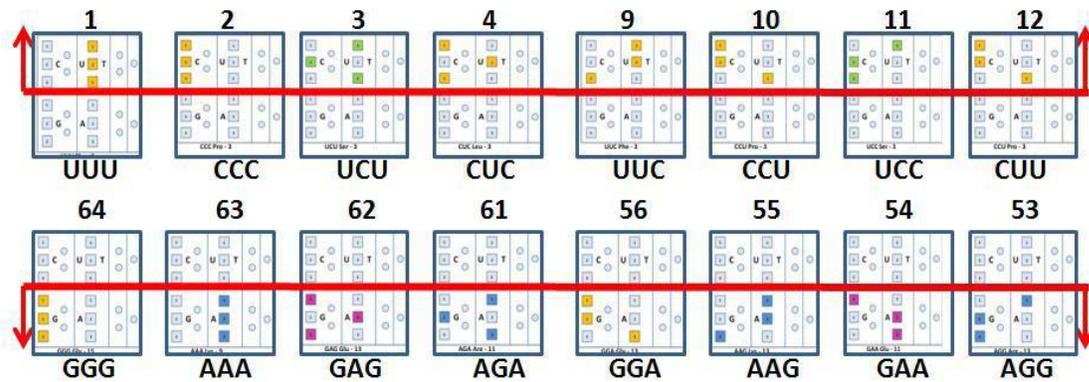
**Y = Sistema celular de la Yupana**

**GC = Código genético**

**7.2. La correlación de los Bioterniones con el sistema de la Yupana**

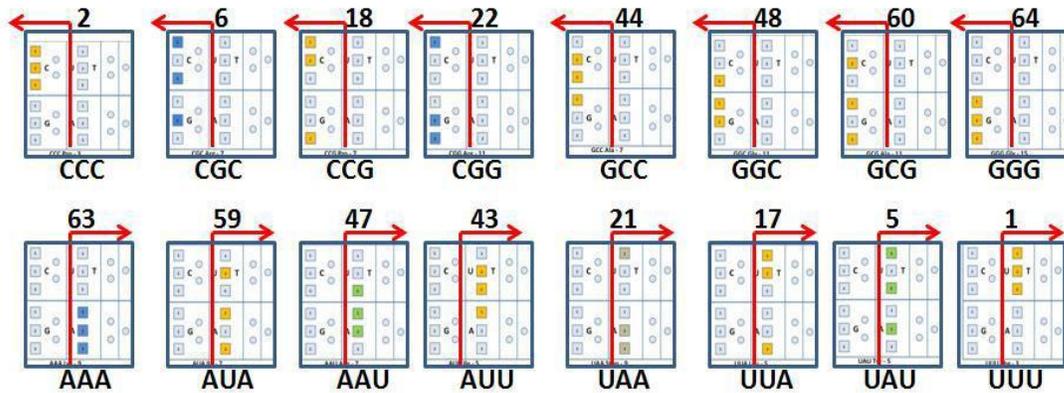
Hemos derivado el grupo de Bioterniones (incluidos en la Tabla del Génesis) del sistema matemático de la Yupana, un sistema donde los codones están dispuestos geoméricamente, incluidos con su correspondencia numérica relacionada a su respectivo codón, tal como se los muestra en los siguientes cuadros:

**Cuadro 1**



Observe en el cuadro de arriba, la acomodación de los 16 codones divididos en dos grupos de 8 aminoácidos cada una. El grupo principal se organizó con UUU, CCC, UCU, CUC, UCS, CCU, UCC y CUU. Los cuales son correlacionados con los números 1 + 2 + 3 + 4 + 9 + 10 + 11 + 12, que cuando se los suma son igual a 52. El grupo inferior se organizó con GGG, AAA, GAG, AGA, GGA, AAG, GAA y AGG. Sus números correlativos son 64 + 63 + 62 + 61 + 56 + 55 + 54 + 52, que cuando se los suma es igual a 468 (con un total de 52+468 = 520) Tome en cuenta que el grupo superior tiene todos los codones acomodados simétricamente en el hemisferio superior del sistema de la yupana, en otras palabras, debido a su geometría, 8 aminoácidos son organizadas por pares simétricos en el hemisferio superior de la yupana, por encima de la línea roja.

El grupo inferior demuestra ser todo lo contrario, ya que 8 aminoácidos están dispuestos en el hemisferio inferior de la Yupana. Existen una serie de simetrías entre los dos sistemas, en este caso el sistema matemático Yupana y el código genético. Estas simetrías también existen en los números. Tome en cuenta que existe simetría en la cantidad de 4 pares y 4 impares en cada grupo.



### Cuadro 2

Observe en la figura de arriba, el acomodamiento de 16 codones dividido en dos grupos de 8 aminoácidos cada uno. El grupo principal se organizó como CCC, CGC, CCG, CGG, GCC, GGC, GCG y GGG. Sus números correlacionados son  $2 + 6 + 18 + 22 + 44 + 48 + 60 + 64$ , los cuales cuando los suma su resultado es igual a 264.

El grupo final se acomoda con AAA, AUA, UCA, AUU, SAU, AUU, UAU y UUU. Sus números correlacionados son  $63 + 59 + 47 + 43 + 21 + 17 + 5 + 1$ , lo cuales sumados son igual a 256. (con un total de  $264+256 = 520$ ). Debido a su geometría, el grupo superior tiene todos los codones dispuestos simétricamente en el lado izquierdo del sistema de la Yupana, en otras palabras 8 aminoácidos dispuestos en el lado izquierdo de la Yupana. El grupo inferior es lo opuesto, ya que debido a su geometría, 8 aminoácidos se acomodan en la parte derecha de la Yupana. Observe que también cada par complementario de codones, cuando se los suman es igual a 65. Las figuras de arriba son una demostración gráfica de las propiedades simétricas y de diploides y tetraploides de la Yupana.

### Conclusiones:

Puesto que es relevante capturar la propiedad esencial de cualquier fenómeno, en este caso, el teorema Tricotómico, ofrece el mejor marco conceptual y matemático con el fin de desarrollar una molécula lógica, también la matemática analizados a través de los números primos de Mersenne y la aparición de la constante de Euler que se descubrió esta codificada dentro de la molécula de ADN, demuestra que los números son la base de todo lo que existe incluso la biología molecular.

### Análisis numéricos realizados a la amplitud y longitud de la célula matemática

Por José Luis Laura Huanca

### Cuadro de prueba 1

n	Y			B	Z1		X1	n	Y			B	Z1		X1
	Mult	Diferencia	Sum		8,142857143				Mult	Diferencia	Sum		8,15484548537712		
999900	9,997E+17	3,333E+11	2999703	40927567652,631600	-40924567949,631600			1999900	7,9988E+18	1,333E+12	5999703	40867400516,367700	-40864400813,367700		
999901	9,9971E+17	3,333E+11	2999706	40927649515,912300	-40924649809,912300			1999901	7,9988E+18	1,333E+12	5999706	163485951053,064000	-163479951347,064000		
999902	9,9971E+17	3,333E+11	2999709	40927731379,274900	-40924731670,274900			1999902	7,9988E+18	1,333E+12	5999709	163486114547,068000	-163480114838,068000		
999903	9,9971E+17	3,333E+11	2999712	40927813242,719300	-40924813530,719300			1999903	7,9988E+18	1,333E+12	5999712	163486278041,152000	-163480278329,152000		
999904	9,9972E+17	3,333E+11	2999715	40927895106,245600	-40924895391,245600			1999904	7,9989E+18	1,333E+12	5999715	163486441535,319000	-163480441820,319000		
999905	9,9972E+17	3,333E+11	2999718	40927976969,853800	-40924977251,853800			1999905	7,9989E+18	1,333E+12	5999718	163486605029,567000	-163480605311,567000		
999906	9,9972E+17	3,333E+11	2999721	40928058833,543900	-40925059112,543900			1999906	7,9989E+18	1,333E+12	5999721	163486768523,898000	-163480768802,898000		
999907	9,9972E+17	3,333E+11	2999724	40928140697,315800	-40925140973,315800			1999907	7,9989E+18	1,333E+12	5999724	163486932018,309000	-163480932294,309000		
999908	9,9973E+17	3,333E+11	2999727	40928222561,169600	-40925222834,169600			1999908	7,9989E+18	1,333E+12	5999727	163487095512,803000	-163481095785,803000		
999909	9,9973E+17	3,333E+11	2999730	40928304425,105300	-40925304695,105300			1999909	7,9989E+18	1,333E+12	5999730	163487259007,378000	-163481259277,378000		
999910	9,9973E+17	3,333E+11	2999733	40928386289,122800	-40925386556,122800			1999910	7,9989E+18	1,333E+12	5999733	163487422502,036000	-163481422769,036000		
999911	9,9974E+17	3,333E+11	2999736	40928468153,222200	-40925468417,222200			1999911	7,9989E+18	1,333E+12	5999736	163487585996,774000	-163481586260,774000		
999912	9,9974E+17	3,333E+11	2999739	40928550017,403500	-40925550278,403500			1999912	7,999E+18	1,333E+12	5999739	163487749491,595000	-163481749752,595000		
999913	9,9974E+17	3,333E+11	2999742	40928631881,666700	-40925631239,666700			1999913	7,999E+18	1,333E+12	5999742	163487912986,497000	-163481913244,497000		
999914	9,9975E+17	3,333E+11	2999745	40928713746,011700	-40925714001,011700			1999914	7,999E+18	1,333E+12	5999745	163488076481,482000	-163482076736,482000		
999915	9,9975E+17	3,333E+11	2999748	40928795610,438600	-40925795862,438600			1999915	7,999E+18	1,333E+12	5999748	163488239976,548000	-163482240228,548000		
999916	9,9975E+17	3,333E+11	2999751	40928877474,947400	-40925877723,947400			1999916	7,999E+18	1,333E+12	5999751	163488403471,695000	-163482403720,695000		
999917	9,9975E+17	3,333E+11	2999754	40928959339,538000	-40925959585,538000			1999917	7,999E+18	1,333E+12	5999754	163488566966,925000	-163482567212,925000		
999918	9,9976E+17	3,333E+11	2999757	40929041204,210500	-40926041447,210500			1999918	7,999E+18	1,333E+12	5999757	163488730462,236000	-163482730705,236000		
999919	9,9976E+17	3,333E+11	2999760	40929123068,964900	-40926123308,964900			1999919	7,999E+18	1,333E+12	5999760	163488893957,629000	-163482894197,629000		
999920	9,9976E+17	3,333E+11	2999763	40929204933,801200	-40926205170,801200			1999920	7,999E+18	1,333E+12	5999763	163489057453,103000	-163483057690,103000		
999921	9,9977E+17	3,333E+11	2999766	40929286788,719300	-40926287032,719300			1999921	7,999E+18	1,333E+12	5999766	163489220948,660000	-163483221182,660000		
999922	9,9977E+17	3,333E+11	2999769	40929368663,719300	-40926368894,719300			1999922	7,999E+18	1,333E+12	5999769	163489384444,298000	-163483384675,298000		
999923	9,9977E+17	3,333E+11	2999772	40929450528,801200	-40926450756,801200			1999923	7,999E+18	1,333E+12	5999772	163489547940,018000	-163483548168,018000		
999924	9,9978E+17	3,333E+11	2999775	40929532393,964900	-40926532618,964900			1999924	7,999E+18	1,333E+12	5999775	163489711435,819000	-163483711660,819000		
999925	9,9978E+17	3,333E+11	2999778	40929614259,210500	-40926614481,210500			1999925	7,999E+18	1,333E+12	5999778	163489874931,703000	-163483875153,703000		
999926	9,9978E+17	3,333E+11	2999781	40929696124,538000	-40926696343,538000			1999926	7,999E+18	1,333E+12	5999781	163490038427,668000	-163484038646,668000		
999927	9,9978E+17	3,333E+11	2999784	40929777989,947400	-40926778205,947400			1999927	7,999E+18	1,333E+12	5999784	163490201923,715000	-163484202139,715000		
999928	9,9979E+17	3,333E+11	2999787	40929859855,438600	-40926860068,438600			1999928	7,999E+18	1,333E+12	5999787	163490365419,844000	-163484365932,844000		
999929	9,9979E+17	3,333E+11	2999790	40929941721,011700	-40926941931,011700			1999929	7,999E+18	1,333E+12	5999790	163490528916,054000	-163484529126,054000		
999930	9,9979E+17	3,333E+11	2999793	40930023586,666700	-40927023793,666700			1999930	7,999E+18	1,333E+12	5999793	163490692412,346000	-163484696219,346000		
999931	9,998E+17	3,333E+11	2999796	40930105452,403500	-40927105656,403500			1999931	7,999E+18	1,333E+12	5999796	163490855908,720000	-163484856512,720000		
999932	9,998E+17	3,333E+11	2999799	40930187318,222200	-40927187519,222200			1999932	7,999E+18	1,333E+12	5999799	163491019405,176000	-163485019606,176000		
999933	9,998E+17	3,333E+11	2999802	40930269184,122800	-40927269382,122800			1999933	7,999E+18	1,333E+12	5999802	163491182901,713000	-163485183099,713000		
999934	9,9981E+17	3,333E+11	2999805	40930351050,105300	-40927351245,105300			1999934	7,999E+18	1,333E+12	5999805	163491346398,332000	-163485346593,332000		
999935	9,9981E+17	3,333E+11	2999808	40930432916,169600	-40927433108,169600			1999935	7,999E+18	1,333E+12	5999808	163491509895,033000	-163485510087,033000		
999936	9,9981E+17	3,333E+11	2999811	40930514782,315800	-40927514971,315800			1999936	7,999E+18	1,333E+12	5999811	163491673391,816000	-163485673580,816000		
999937	9,9981E+17	3,333E+11	2999814	40930596648,543900	-40927596834,543900			1999937	7,999E+18	1,333E+12	5999814	163491836888,680000	-163485837074,680000		
999938	9,9982E+17	3,333E+11	2999817	40930678514,853800	-40927678697,853800			1999938	7,999E+18	1,333E+12	5999817	163492000385,626000	-163486000568,626000		
999939	9,9982E+17	3,333E+11	2999820	40930760381,245600	-40927760561,245600			1999939	7,999E+18	1,333E+12	5999820	163492163882,654000	-163486164062,654000		
999940	9,9982E+17	3,333E+11	2999823	40930842247,719300	-40927842424,719300			1999940	7,999E+18	1,333E+12	5999823	163492327379,764000	-163486327556,764000		
999941	9,9983E+17	3,333E+11	2999826	40930924114,274900	-40927924288,274900			1999941	7,999E+18	1,333E+12	5999826	163492490876,955000	-163486491050,955000		
999942	9,9983E+17	3,333E+11	2999829	40931005980,912300	-40928006151,912300			1999942	7,999E+18	1,333E+12	5999829	163492654374,229000	-163486654545,229000		
999943	9,9983E+17	3,333E+11	2999832	40931087847,631600	-40928088013,631600			1999943	7,999E+18	1,333E+12	5999832	163492817871,584000	-163486818039,584000		
999944	9,9984E+17	3,333E+11	2999835	40931169714,432800	-40928169879,432800			1999944	7,999E+18	1,333E+12	5999835	163492981369,020000	-163486981534,020000		
999945	9,9984E+17	3,333E+11	2999838	40931251581,315800	-40928251743,315800			1999945	7,999E+18	1,333E+12	5999838	163493144866,539000	-163487145028,539000		
999946	9,9984E+17	3,333E+11	2999841	40931333448,280700	-40928333607,280700			1999946	7,999E+18	1,333E+12	5999841	163493308364,139000	-163487308523,139000		
999947	9,9984E+17	3,333E+11	2999844	40931415315,327500	-40928415471,327500			1999947	7,999E+18	1,333E+12	5999844	163493471861,821000	-163487472017,821000		
999948	9,9985E+17	3,333E+11	2999847	40931497182,456100	-40928497335,456100			1999948	7,999E+18	1,333E+12	5999847	163493635359,584000	-163487635512,584000		
999949	9,9985E+17	3,333E+11	2999850	40931579049,666700	-40928579199,666700			1999949	7,999E+18	1,333E+12	5999850	163493798857,430000	-163487799027,430000		
999950	9,9985E+17	3,333E+11	2999853	40931660916,959100	-40928661063,959100			1999950	7,999E+18	1,333E+12	5999853	163493962355,357000	-163487962502,357000		
999951	9,9986E+17	3,333E+11	2999856	40931742784,333300	-40928742928,333300			1999951	7,999E+18	1,333E+12	5999856	163494125853,366000	-163488125997,366000		
999952	9,9986E+17	3,333E+11	2999859	40931824651,789500	-40928824792,789500			1999952	7,999E+18	1,333E+12	5999859	163494289351,457000	-163488289492,457000		
999953	9,9986E+17	3,333E+11	2999862	40931906519,327500	-40928906657,327500			1999953	7,999E+18	1,333E+12	5999862	163494452849,629000	-163488452987,629000		

También probamos la amplitud usando la constante de e con 10.000 dígitos y los resultados fueron positivos (hasta este punto, siempre la suma de decimales es igual a 1) de n1 a n72 y negativo desde n73 a 1.999.959. Es importante mencionar en este punto que por el hecho de que e es irracional, por lo tanto la célula matemática es dinámica.

### Pruebas numéricas realizadas a la relación de los primos de Mersenne con la constante e, o la constante de Euler

Por José Luis Laura Huanca

#### Cuadro de prueba 2

$2^{2-1}$	3	268435456	197503771	4,07742274450041
$2^{3-1}$	7	67108864	197503771	2,37849660095857
$2^{5-1}$	31	16777216	197503771	2,63333552248985
$2^{7-1}$	127	4194304	197503771	2,69704525287267
$2^{13-1}$	8191	65536	197503771	2,71795000815453
$2^{17-1}$	131071	4096	197503771	2,71826109082241
$2^{19-1}$	524287	1024	197503771	2,71827664495581
$2^{23-1}$	536870911	1	197503771	2,71828182460374
$2^{231-1}$	2147483647	4	197503771	2,71828182840114
$2^{61-1}$	2305843009213693951	4294967296	197503771	2,71828182966694
$2^{89-1}$	618970019642690137449562111	1,15292E+18	197503771	2,71828182966695
$2^{107-1}$	162259276829213363391578010288127	3,02231E+23	197503771	2,71828182966694

Se realizó la prueba de la Tabla de arriba hasta el primo de Mersenne  $2^{23209-1}$ , y con esta prueba, se trata de explicar la relación matemática existente entre la constante e de Euler y la constante de Jardiel con los primos de Mersenne. El Filósofo y matemático Euclid 300 ac demostró (En su libro IX, proposición 36) que si  $2^n - 1$  es primo, entonces  $2^{n-1} (2^n - 1)$  es un número perfecto. Los números perfectos son los números triangulares y pertenecen a una serie tetraédrica. En otras palabras, son números geométricos, aquí algunos ejemplos de números perfectos: 6, 28, 496, 8128, 33550336, 8589869056, etc. Los primos de Mersenne fueron postuladas por el sacerdote católico Marín Mersenne (1588-1648), quien en 1644 escribió el libro titulado "Cogitata Physica Mathematica" donde demuestra la importancia de los primos relacionados con los sistemas biológicos.

## LA CELULA MATEMATICA HIJA EN FORMATO DE BURBUJA NUMERICA

n	Z1	B	X1
	<b>7,236845485</b>	<b>Sum</b>	<b>2,412281828</b>
1	0,138181754	6	5,861818246
2	0,368484676	9	8,631515324
3	0,690908768	12	11,30909123
4	1,105454029	15	13,89454597
5	1,612120459	18	16,38787954
6	2,210908058	21	18,78909194
7	2,901816826	24	21,09818317
8	3,684846764	27	23,31515324
9	4,55999787	30	25,44000213
10	5,527270146	33	27,47272985
11	6,58666359	36	29,41333641
12	7,738178204	39	31,2618218
13	8,981813987	42	33,01818601
14	10,31757094	45	34,68242906
15	11,74544906	48	36,25455094
16	13,26544835	51	37,73455165
17	14,87756881	54	39,12243119
18	16,58181044	57	40,41818956
19	18,37817323	60	41,62182677
20	20,2666572	63	42,7333428
21	22,24726234	66	43,75273766
22	24,31998864	69	44,68001136
23	26,48483611	72	45,51516389
24	28,74180476	75	46,25819524
25	31,09089457	78	46,90910543
26	33,53210555	81	47,46789445
27	36,0654377	84	47,9345623
28	38,69089102	87	48,30910898
29	41,40846551	90	48,59153449
30	44,21816117	93	48,78183883
31	47,11997799	96	48,88002201
<b>32</b>	<b>50,113916</b>	<b>99</b>	<b>48,886084</b>
33	53,19997515	102	48,80002485
34	56,37815549	105	48,62184451
35	59,64845699	108	48,35154301
36	63,01087966	111	47,98912034
37	66,4654235	114	47,5345765
38	70,01208851	117	46,98791149
39	73,65087469	120	46,34912531
40	77,38178204	123	45,61821796
41	81,20481056	126	44,79518944
42	85,11996024	129	43,88003976
43	89,1272311	132	42,8727689
44	93,22662312	135	41,77337688
45	97,41813632	138	40,58186368
46	101,7017707	141	39,29822932
47	106,0775262	144	37,92247379
48	110,5454029	147	36,45459709
49	115,1054008	150	34,89459922
50	119,7575198	153	33,24248018
51	124,50176	156	31,49823997
52	129,3381214	159	29,66187859
53	134,2666604	162	27,73339605
54	139,2872077	165	25,71279233
55	144,3999326	168	23,60006744
56	149,6047786	171	21,39522139
57	154,9017458	174	19,09825417
58	160,2908342	177	16,70916578
59	165,7720438	180	14,22795622
60	171,3453745	183	11,65462548
61	177,0108264	186	8,989173586
62	182,7683995	189	6,231600517
63	188,6180937	192	3,38190628
64	194,5599091	195	0,440090873



La siguiente imagen es una representación de la célula matemática y así como e infla la célula, es importante mencionar que hemos descubierto y lo demostramos con esta tesis que e (constante de Euler de 2,718281828.....) es la dirección que indica donde se ubica la célula y esto también lo demuestran muchas investigaciones y estudios realizados en laboratorios en varios lugares del mundo y donde se demuestra que tanto los números primos, como la constante e, regulan las moléculas tanto del ADN como del ARN biológico. En consecuencia podemos concluir que con este estudio hemos conquistado la célula y el mundo molecular.

**Referencias:**

- [1] Biomolecular Computing Systems, Harish Chandran et. al. Department of Computer Science, Duke University, Durham NC. 2012
- [2] A colorful and symmetrical origin for the genetic code, Senapi 2011, <http://www.lulu.com/shop/javier-ruiz-garcia/a-colorful-and-symmetrical-origin-for-the-genetic-code/ebook/product-20413744.html>
- [3] Modeling the Distribution of primes in a Biomolecular System, Okunoye Babantude, Department of Applied Biology, University of Technology, Ogbomoso, Nigeria, 2013
- [4] La Solucion F6 para la distribucion de los numeros primos, Javier Amaru Ruiz Garcia, 2003.
- [5] La Delusion Dialectica, Javier Amaru Ruiz Garcia, ISBN 978-1-300-24469-1, 2010.
- [6] The Nuclear Pore Complex as a Transport Machine, Michael P. Rout and John D. Aitchison, From the Laboratory of Cellular and Structural Biology, The Rockefeller University. 2001.
- [7] PhyloCSF: a comparative genomics method to distinguish protein coding and non-coding regions Michael F. Lin, Irwin Jungreis and Manolis Kellis. Computer Science and Artificial Intelligence Laboratory, Massachusetts Institute of Technology. Vol. 27 ISMB 2011
- [8] Quantitative modeling, Developmental Cell 11, 279–287, September, 2006 #2006 Elsevier Inc.
- [9] Quantitative modeling, Developmental Cell 11, 279–287, September, 2006 #2006 Elsevier Inc.
- [10] Modeling the Distribution of primes in a Biomolecular System, Okunoye Babantude, Department of Applied Biology, University of Technology, Ogbomoso, Nigeria, 2013
- [11] Modeling the Distribution of primes in a Biomolecular System, Okunoye Babantude, Department of Applied Biology, University of Technology, Ogbomoso, Nigeria, 2013
- [12] The pre-existing logic of the Genetic Code, Javier Ruiz Garcia, Tani Tani 2009
- [13] The Genesis of DNA, Javier Ruiz Garcia <http://www.lulu.com/shop/javier-ruiz-garcia/the-genesis-of-dna-genetic-Oracle/ebook/product-20460303.html>
- [14] The Bioternions Theory, Javier Ruiz Garcia, <http://www.lulu.com/shop/javier-ruiz-garcia/the-genesis-of-dna-genetic-Oracle/ebook/product-20460303.html>
- [15] Altmann, S. L. Rotations, Quaternions, and Double Groups. Oxford, England: Clarendon Press, 1986.
- [16] The Miller and Urey experiment, Miller, Stanley L.; Harold C. Urey (July 1959). "Organic Compound Synthesis on the Primitive Earth". Science 130 (3370): 245–51.
- [17] The Triplet Code From First Principles, Edward N. Trifonov, Genome Diversity Center, Institute of Evolution, University of Haifa, 2004.
- [18] Ingegneri Informa Pescara, Numero Speciale, Ottobre, 2002.

Javier Ruiz Garcia - Email: [refvirtual@yahoo.com](mailto:refvirtual@yahoo.com)

Facebook: Javier Amaru Ruiz Garcia

Youtube Channel: Amaru Garcia