

Simulation of Double Prime Factor Corresponding to the Spiral Structure

Haiming Xue, Jinggang Zhang[†]

Application of mathematical research institute Zhangzi, Changzhi 046600, China

[†]Email: zhangyi828282@126.com

Abstract

The set of natural numbers (mod6) after arrangement shows symmetry distribution law of helical and natural number notation; and the law of period distribution and isometric transmission of p, q contained in the number of prime factor M has been observed; namely, two pairs of prime numbers, p, q , which can simulate the spiral kinestate of the Universal in time and space and the double helix structure of DNA base (A, T, G, C) sequences of genetic code structure and form. In addition, it can also as an innovation of research to study DNA sequential structure and coding, as well to predict the law and trend of the correlated things in universe. Then the digital model was constructed based on the two pairs of prime factor; and the law of the changing universe has been explored, which can provide solution to the issues related to spiral.

Keywords: *Spiral Structure; DNA Gene; Composite Application; Two Pairs of Prime Factor; Other Scientific Research*

双重素数因子对应组螺旋结构仿真

薛海明, 张景刚

长子县应用数理研究所, 山西 长治 046600

摘要: 自然数集按 (mod6) 排列后, 将自然数符号螺旋对称分布的规律与自然律有机关联起来研究, 从中发现数集中部分合数 M 中所包含相同素因子 p, q 周期分布与等距传递的规律, 即双重素数 p, q 实项、虚项原构、同构同因子对应组螺旋对称分布结构的形式与规律, 可模拟宇宙万物的时空螺旋运动状态, 模拟 DNA 双螺旋结构碱基 (A、T、G、C) 序列遗传密码结构与形式。亦可作为一种创新方法开发应用研究, 为研究 DNA 序列结构的数学编码, 研究宏观宇宙、中观生物、微观质量的对应螺旋运动状态, 预测宇宙万物相互关联相互作用的变化规律与趋势, 构建基于宇宙中空时序的自然数双重素数因子对应组 (多组) 螺旋延伸的数码模型, 高度抽象探讨与理解宇宙万物运动变化的原本规律, 为相关问题的表述与解决提供数码螺旋的解决方案。

关键词: 螺旋结构; DNA 遗传基因; 合数应用; 双重素数因子对; 其他科学研究

引言

人类通过数天上的星星发现无限延续的自然数, 就具有描述宇宙万物螺旋运动状态的特性。螺旋结构是自然界最普遍的一种形状, 许多生物细胞中发现的微型结构都采用了这种构造。然而, 科学家至今还无法创造出一种全新的基因数码图谱, 因为他们尚不清楚自然界是如何“创作”基因的。由于人类基因组计划和基因组研究的进展中, 人们已经开始对大自然或“造物主”创作“生命之书”的规律有了一些初步的认识^[1]。那么人们对于自然数的产生与认识是否与遗传基因有关呢? 自然数的出现要比宇宙及各种生物产生晚得多, 人类在发现自然数的同时通过简单运算慢慢认识才发现逻辑关系以致于发展到今天的数学, 使人们有了一个基本清晰的认识。然而自然数10进制 (mod6) 排列后^[2]形成的双重素数实项、虚项同因子螺旋对应组关系, 也类似 DNA 双螺旋的发现确立了两条解读生命的规则, 其中双重素因子对应组因子多样性对应的 DNA 遗传

密码的多样性，就其表现的螺旋结构形式与宇宙及万千生命形式的各种表现形式相似，且自然数集(mod6)排列的图谱中包含的巨大潜力及潜在信息量远远超过现有 DNA 螺旋形式遗传密码图谱，亦可作为最基础的数码理论，研究与构建基于宇宙中空时序的自然数双重素数因子对应组螺旋结构的数码模型及作为 DNA 遗传密码排序有益尝试，可为各类螺旋问题的表述与解决提供数学编码的仿真框架。

1 双重素数实项、虚项同因子对应组螺旋结构排列模型

DNA 编码序列设计问题自 DNA 计算诞生以来就一直是该领域的核心问题之一，文献^[3]分析了 DNA 编码序列设计的目标和需要满足约束条件，并建立相应数学模型，文献^[4]提出了路径排序问题表面 DNA 算法三步逐，并对有向图的路径排序问题给出了 DNA 算法并分析生化实践的过程，文献^[5]研究 DNA 全系列具有什么结构等进行了有益研究工作，DNA 计算以怎样的方式发展是一个值得深入研究问题。文献^{[2][6][7]}在众所周知的素数分布规律无规可循，但素数因子的分布根据其显规律性质与排列方法对研究数码理论、规律有一定的应用与参考价值。本文根据(mod6)方法制表讨论双重素数因子对应组对称分布螺旋规律与性质，由于模数性质及商数为序数的应用，各列之间，不论是实项同因子对应分布，还是虚项同因子对应分布，他们的中心域界位置虽然不同，但他们之间却有着多层次的联系，这不仅同模数区域性质有关，同时也与序数性质有关，以及同因位差性质，位变规律，互数（动词）规律，相同因子的等差（距）传递性质等，已成为一种分布十分严密的多种螺旋结构形式，这将对宇宙空间万千生命形式及 DNA 遗传密码科学研究和数学机械化研究有着积极作用。根据吴文俊开创的数学机械化思想，本文的方法“可以无困难地转化程序用计算机实现^[8]”。

1.1 实项、虚项同因子对应分布

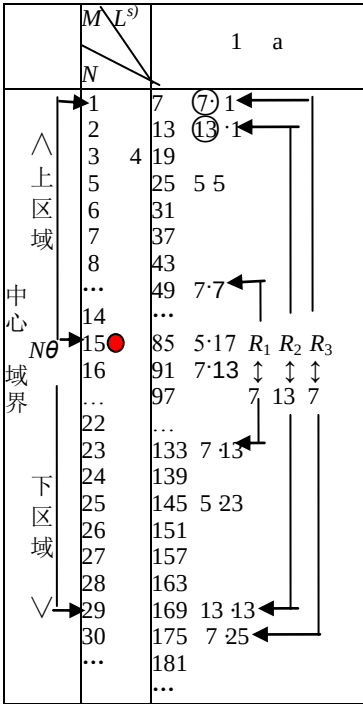
文献^[2]素合混合列内数数量标记计数因子 p,q 的过程中可以看出，因子具有同构、异构周期分布的性质，同时也具有对应分布的性质，因子的对应分布虽然是非常明显简单的一种形式，但却是我们未认识到自然数的一个重要的性质。如果在筛法表内的任一列 M 中，当把一定数值范围的所有 M 划分为上下两个区域时，那么在该范围内，就会有一部分计数因子，它们依这两个区域的域界为中心，并在两侧相间同样多的因子，相互之间以对称的形式分布在上下两个区域中。由于它们是等值循环数数的形式进行标记因子而出现的，因此，当以一个 M 为域界中心时，因子在域界两侧对称分布的性质，则不证自明。

（见表 1）表 1a 中实项同因子对应范围是 $N=29$ ，其中心域界位置是计数因子 7 与 13

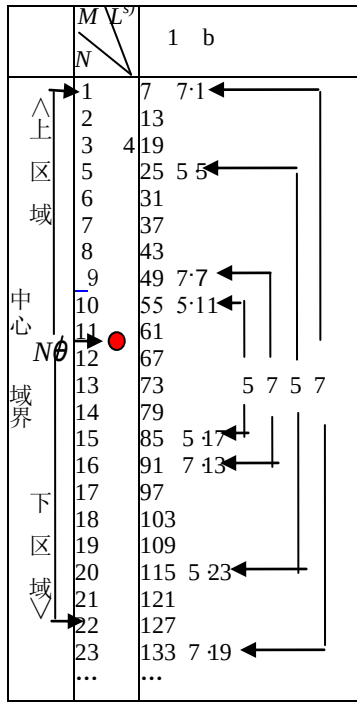
的一个 M 值，序数为 $N=15$ 即中心域界，可以看出，由于因子的等距性质，所以这一范围内的因子对应分布方式中，上下项合数中含 7 这个因子成为对应关系，同样计数因子 13 也是这种关系。

表 1b 中虚项同因子对应范围是 $N=22$ ，它们虽然是依相同因子单位对应分布在上下两个区域中，但中心域界位置却在两个序数 N_{11}, N_{12} 的中间，因此，中心域界的位置不能够根据一个数出值的序数进行定位，同时在这样的中心域界位置中没有因子单位的分布形式，所以因子单位的实项、虚项同因子对应分布形式，是两种性质不同因子对应分布形式，这两种对应形式不会出现在同一个因子对应范围内。（这里省略实项、虚

(表 1) a 实项同因子对应分布



b 虚项同因子对应分布

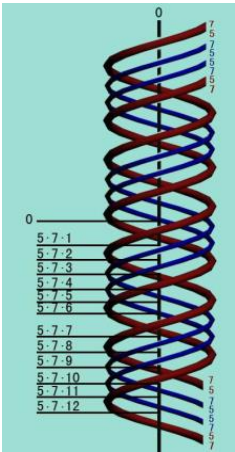


项，原构、同构同因子关系的表述，见文献^[6])

1.2 素数 5,7 虚项原构、同构同因子对应组螺旋结构图谱

直观表 2 排列方法，双重素数 5,7 虚项原构、同构同因子对应组在平面载体上以 0 时序坐标为基点开始向两侧按一定规律对称螺旋延伸， $a \cdot b \cdot n$ 时序坐标在其对应的序数 N_i 中心域界●位置还有一定摆幅，其时序坐标在左侧时中心域界●下移一行，在右侧时坐标中心域界●上移一行，两列间因子与因子包括中间夹带数据间距均为 35。根据表 2 以下（图 1）双重素因子螺旋图谱可模拟 DNA 遗传基因碱基 A、T、G、C 螺旋结构图谱及其他图谱。

表 2、图 1 以 0 时序坐标为基点开始，其因子对应组上下对称螺旋模拟描述太阳系以太阳 0 为中空中心轴，其他 $a \cdot b \cdot n$ 时序坐标描述为中空时序，双重同因子对应组螺旋运动形式模拟描述地球运转，（或者模拟描述八大行星运转，可以寻找适配因子对应组），虚项原构同因子对应组模拟收缩，虚项同构同因子对应组模拟扩展，其中的同因位差性质，位变规律，就具有描述各个星球左右摇摆的



模拟螺旋图谱(图 1)

5, 7 虚项原构、同构同因子对应组螺旋结构表 表 2

...	...	...	...	...	...	...
-17●	-107	-106	-105 5 7 3	-104	-103	-102
-16	-101	-100	-99	-98 7 T ₁	-97	-96
-15	-95 5 C ₂	-94	-93	-92	-91 7 A ₂	-90 5 C ₃
-14	-89	-88	-87	-86	-85 5 G ₂	-84 7 T ₃
-13	-83	-82	-81	-80 5 G ₁	-79	-78
-12	-77 7 T ₄	-76	-75	-74	-73 原构	-72
-11●	-71	-70 5 7 2	-69	-68	-67	-66
-10	-65	-64	-63 7 A ₀	-62	-61	-60 5 C ₃
-9	-59	-58	-57	-56 7 A ₁	-55 5 C ₂	-54
-8	-53	-52	-51	-50 5 G ₁	-49 7 T ₂	-48
-7	-47	-46	-45 5 G ₀	-44	-43	-42 7 T ₃
-6	-41	-40	-39	-38	-37	-36
-5●	-35 5 7 1	-34	-33	-32 同构	-31	-30
-4	-29	-28 7 A ₁	-27	-26	-25 5 C ₂	-24
-3	-23	-22	-21 7 A ₀	-20 5 C ₁	-19	-18
-2	-17	-16	-15 5 G ₀	-14 7 T ₁	-13	-12
-1	-11	-10 5 G ₁	-9	-8	-7 7 T ₂	-6
N M L ⁽¹⁾	-5 标志行	-4	-3	-2	-1	0 0 基点
数形表示	-6n-5	-6n-4	-6n-3	-6n-2	-6n-1	-6n
数形表示	6n+1	6n+2	6n+3	6n+4	6n-1	6n
M N L ⁽²⁾	1 L ⁽¹⁾ 标志行	2 L ⁽²⁾	3 L ⁽³⁾	4 L ⁽⁴⁾	5 L ⁽⁵⁾	6 L ⁽⁶⁾
1	7 7 A ₂	8	9	10 5 C ₁	11	12
2	13	14 7 A ₁	15 5 C ₀	16	17	18
3	19	20 5 G ₁	21 7 T ₀	22	23	24
4	25 5 G ₂	26	27	28 7 T ₁	29	30
5●	31	32	33	34	35 5 7 1	36
6	37	38	39	40	41	42 7 A ₃
7	43	44	45 5 C ₀	46	47	48
8	49 7 A ₂	50 5 C ₁	51	52	53	54
9	55 5 G ₂	56 7 T ₁	57	58	59	60 5 G ₃
10	61	62	63 7 T ₀	64	65	66
11●	67	68	69	70 5 7 2	71	72
12	73	74	75	76	77 7 A ₄	78
13	79	80 5 C ₁	81	82	83	84 7 A ₃
14	85 5 C ₂	86	87	88	89	90 5 G ₃
15	91 7 T ₂	92	93	94	95 5 G ₄	96
16●	97	98 7 T ₁	99	100	101	102
17	103	104	105 5 7 3	106	107	108
18	109	110	111	112 7 A ₂	113	114
19	115 5 C ₂	116	117	118	119 7 A ₄	120 5 C ₃
...	...	...	...	...	...	...

动态自适应平衡状态，对应组的行间距描述其质量，因子对应组有左旋、右旋(其他因子)的形式描述其行星各自轨道等。因为人类通过数天上的星星发现无限延续的自然数，当然就具有描述宇宙万物螺线运动状态的特性。我们知道，螺旋律是宇宙间的普遍规律之一，宇宙间的一切事物都有其内在的规律性，如太阳系的月亮、地球等星体以太阳为中心，周而复始地围绕着太阳运转，体现了太阳系的有序和谐自然而然，它们各自均有自身的螺旋周期而循环着，如同实项、虚项同因子对应组的周期循环形式，同时也可表述 DNA 遗传基因碱基 A、G、C、T 四个字符螺旋结构排序增加可编码排序空间。

2 表内序数间距计算的方法

2.1 表内M的计算

根据表内整数 M 与 $L^{(s)}$ (列)、 N_i (序数) 之间的关系可用：

$$M = 6N_i + L^{(s)} = R_{N_i}^{L^{(s)}} \Leftrightarrow M = R_{N_i}^{(1)} = R_{N_i}^{(5)} = L_{N_i}^{(s)} \quad (1)$$

若 $M=R$ ，不仅可以求出任一个整数 M 值，同样也可以求出任一个数(动词)值单位 M 的位置坐标(节点)。

设：在 $L^{(1)}$ 中，要求出第 N_{23} 行整数 M 值，那么根据式(1)：(6 为常数)

$$R_{13}^{(1)} = M = 6 \times 13 + 1 = 79 \quad (\text{见表二})$$

设：在 $L^{(4)}$ 中，要求出第 N_{27} 行整数 M 值，那么式(1)：

$$R_{18}^{(4)} = M = 6 \times 18 + 4 = 112 \quad (\text{见表二})$$

式(1)证明应用序数(商数)尤为重要。根据表内数形表示 $L^{(5)}, L^{(6)}$ 有一序数差^[7]，计算时应加其序数差“1”或者直接添加余数的形式，如 $L^{(5)} = 6n + 5$; $L^{(6)} = 6n + 6$ 。

2.2 表内双重素数虚项原构同因子对应组序数间距的计算方法

2.2.1 计算素数5,7虚项原构同因子对应组的间距

设：6列表 $5 \times 7 \times n$ 为一个因子坐标位，求平行对应的序数 N_i 中心域界。

$$\frac{a \bullet b \bullet n}{6} = N_i \cdots L \quad (2)$$

用式(2)计算对应序数 N_i 的中心域界，根据表二 b 虚项同因子对应分布关系，5,7因子对应的序数中心域界为 N_i 和 N_{i+1} 之间，计算 p_1, p_2 虚项原构同因子对应组的序数的间距及列数。

$$L^{(s)} = \frac{N_i}{N_{i+1}} = \frac{N_i - \left[\frac{p_i}{2} \right]}{N_{i+1} + \left[\frac{p_i}{2} \right]} = \frac{N_i - p_i}{N_i + p_i} = \frac{N_i = 6N_i + n(\text{补数})}{N_i = 6N_i + n(\text{补数})} = L^{(s)} = \frac{M_1}{M_2} \quad (3)$$

(式中“ $\frac{n}{n}$ ”并非除式，为同因子平行上下两次算法，“补数”是根据6列表数形确定的列数 $6n + n = L^{(s)}$ ，下同。其中两个因子 p_i 取 1/2 整数，根据坐标位与双重素数因子虚同原构对应组左右摆动两列规律，坐标右摆时取下项序数 N_{i+1} ，左摆时取上项序数 N_{i-1} ，计算时小 N_i 在上)

2.2.2 计算素数5虚项原构同因子对应组的序数间距及列数

根据式(2)(3)求：5,7因子坐标1对应的序数 N_5 和 N_6 为中心域界，计算 5,7 虚项原构同因子对应组的序数间距及列数，(5,7因子取 1/2 整数)先求素数 5 虚项原构同因子对应组。

$$L^{(s)} = \frac{N_5}{N_6} = \frac{5 - \left[\frac{5}{2} \right]}{6 + \left[\frac{5}{2} \right]} = \frac{5-2}{6+2} = \frac{N_3 = 6 \times 3 + 2}{N_8 = 6 \times 8 + 2} = \frac{M_{20}}{M_{50}} = L^{(2)} = \frac{M_{20} = R_3^{(2)}}{M_{50} = R_8^{(2)}} \quad \begin{matrix} 20 = 5 \times 4 \\ 50 = 5 \times 10 \end{matrix}$$

据式(3)在 $L^{(2)}$ 内含素数 5 虚项原构同因子对应组的两个序数为 N_3, N_8 ，其间距为 6 行内，为 $L^{(2)}$ 列。

2.2.3 计算素数7虚项原构同因子对应组的序数间距及列数

$$L^{(s)} = \frac{N_5}{N_6} = \frac{5 - \left[\frac{7}{2} \right]}{6 + \left[\frac{7}{2} \right]} = \frac{5-3}{6+3} = \frac{N_2 = 6 \times 2 + 2}{N_9 = 6 \times 9 + 2} = \frac{M_{14}}{M_{56}} = L^{(2)} = \frac{M_{14} = R_2^{(2)}}{M_{56} = R_9^{(2)}} \quad \begin{matrix} 14 = 7 \times 2 \\ 56 = 7 \times 8 \end{matrix}$$

据式(3)在 L^2 内含素数7虚项原构同因子对应组的两个序数为 N_2, N_9 ，其间距为8行内，为 L^2 列。

2.3 计算素数 5,7 虚项同构同因子对应组的序数间

设： L^1 中5,7虚项同构同因子对应组的序数间距,(据式(2)(3)5,7虚项原构同因子对应应在 L^1 内对应的序数 N_i 和 N_{i+i} 计算)

$$L^1 = \frac{N_i}{N_{i+i}} = \frac{N_i - \frac{p_1}{p_2} = N_i = 6N_i + 1}{N_{i+i} + \frac{p_1}{p_2} = N_i = 6N_i + 1} = \frac{M_1}{M_2} \quad (4)$$

2.3.1根据式(4)计算素数5虚项同构同因子对应组在 L^1 的序数间距:

$$L^1 = \frac{N_9}{N_{14}} = \frac{9-5 = N_4 = 6 \times 4 + 1}{14+5 = N_{19} = 6 \times 19 + 1} = \frac{M_{25}}{M_{115}} \quad \frac{M_{25} = R_4^1}{M_{115} = R_{19}^1} \quad \frac{25 = 5 \times 5}{115 = 5 \times 23}$$

据式(4)在 L^1 内含素数5虚项同构同因子对应组的两个序数为 N_4, N_{19} ，其间距为16行内。

2.3.2根据式(4)计算素数7虚项同构同因子对应组在 L^1 的序数间距:

$$L^1 = \frac{N_8}{N_{15}} = \frac{8-7 = N_1 = 6 \times 1 + 1}{15+7 = N_{22} = 6 \times 22 + 1} = \frac{M_7}{M_{133}} \quad \frac{M_7 = R_1^1}{M_{133} = R_{22}^1} \quad \frac{7 = 7 \times 1}{133 = 7 \times 19}$$

据式(4)在 L^1 内含素数7虚项同构同因子对应组的两个序数为 N_1, N_{22} ，其间距为22行内。（查表二）

2.4 计算素数 5,7 虚项原构同因子第五周期范围对应组的序数间距

设： L^1 中5,7两个虚项原构同因子对应组在第五周期范围内对应组的序数间距（据5,7因子对应组 L^1 对应的序数 N_i 和 N_{i+i} 计算）

$$L^1 = \frac{N_i}{N_{i+i}} = \frac{N_i + (5 \times 35) = N_i = 6N_i + 1}{N_{i+i} + (5 \times 35) = N_i = 6N_i + 1} = \frac{M_1}{M_2} \quad (5)$$

2.4.1根据式(5)计算5虚项原构同因子对应组在 L^1 的序数间距:

$$L^1 = \frac{N_9}{N_{14}} = \frac{9 + (5 \times 35) = N_{184} = 6 \times 184 + 1}{14 + (5 \times 35) = N_{189} = 6 \times 189 + 1} = \frac{M_{1105}}{M_{1135}} = \frac{M_{1105} = R_{184}^1}{M_{1135} = R_{189}^1} \quad \frac{1105 = 5 \times 221}{1135 = 5 \times 227}$$

据式(5)第五周期范围 L^1 内含素数5虚项原构同因子对应组的两个序数为 N_{184}, N_{189} ，其间距为6行内。

2.4.2根据式(4)计算7虚项原构同因子对应组在 L^1 的序数间距:

$$L^1 = \frac{N_8}{N_{15}} = \frac{8 + (5 \times 35) = N_{183} = 6 \times 183 + 1}{15 + (5 \times 35) = N_{190} = 6 \times 190 + 1} = \frac{M_{1099}}{M_{1441}} = \frac{M_{1099} = R_{183}^1}{M_{1441} = R_{190}^1} \quad \frac{1099 = 7 \times 157}{1441 = 7 \times 163}$$

据式(5)第五周期范围 L^1 内含素数7实项同因子对应组的两个序数为 N_{183}, N_{190} ，其间距为8行内。

3 多组素数虚项同因子对应组图谱及计算方法（只表示原构同因子对应组）

表 3 多组素数虚项原构同因子对应组螺旋结构表

数形表示	6n+1	6n+2	6n+3	6n+4	6n-1	6n
$\frac{M}{N} \begin{matrix} L^1 \\ L^2 \end{matrix}$	1 L^1	2 L^2	3 L^3	4 L^4	5 L^5	6 L^6
1	7	8	9	10	11 11	12
2	13	14 7	15 5	16	17	18
3	19	20 5 5	21 7	22 11	23	24
4	25	26 13	27	28 7	29	30
5	31	32	33 11	34	35 5 7 1	36
6	37	38	39 13 13	40	41	42
7	43	44 11	45 5	46	47	48
8	49 7 7	50 5 5	51	52	53	54
9	55 5 5 11 1 11	56 7	57	58	59	60 5
10	61	62	63	64	65 5 13 1	66 11

数形表示	$6n+1$	$6n+2$	$6n+3$	$6n+4$	$6n+5$	$6n$
$\begin{matrix} M \\ L^{(1)} \\ N \end{matrix}$	1 $L^{(1)}$	2 $L^{(2)}$	3 $L^{(3)}$	4 $L^{(4)}$	5 $L^{(5)}$	6 $L^{(6)}$
11	67	68	69	70 $5, 7, 2$	71	72
12	73	74	75	76	77 $7, 11, 4$	78 13
13	79	80	81	82	83	84 $7, 7$
14	85 $5, 5$	86	87	88	89	90 5
15	91 $7, 7, 13, 1, 13$	92	93	94	95	96
16	97	98 7	99 $11, 11$	100	101	102
17	103	104 $13, 13, 13$	105 $5, 5, 7, 3, 7$	106	107	108
18	109	110 $11, 5, 41, 2, 5$	111	112	113	114
19	115 5	116	117	118	119 7	120 5
20	121 11	122	123	124	125 5	126 $7, 7$
...	...	...	...	...	...	...

3.1.多组因子对应组序数间距的计算方法

3.1.1计算素数5,11实项原构同因子对应组

设:6列表因子 $5 \times 11 \times n$ 坐标位, 求平行对应的序数 N_i 为中心域界, 计算素数 $p_1, p_2(5,11)$ 实项原构同因子对应组的序数与间距及列数, 根据表1a及式(2)计算对应序数 N_i 为中心域界。先求素数 p_1 因子对应组:

$$L^{(s)} = N_i = \frac{N_i - (p_1 \times 2)}{N_i + (p_1 \times 2)} = \frac{N_i = 6N_i + n(\text{补数})}{N_i = 6N_i + n(\text{补数})} = L^{(s)} = \frac{M_1}{M_2} \quad (6)$$

求素数 p_2 因子对应组公式:

$$L^{(s)} = N_i = \frac{N_i - p_2}{N_i + p_2} = \frac{N_i = 6N_i + n(\text{补数})}{N_i = 6N_i + n(\text{补数})} = L^{(s)} = \frac{M_1}{M_2} \quad (7)$$

3.1.2计算素数5,13实项原构同因子对应组

设:6列表因子 $5 \times 13 \times n$ 坐标 n , 求平行对应的序数 N_i 为中心域界, 计算素数 $p_1, p_2(5,13)$ 实项原构同因子对应组的序数与间距及列数, 根据表1a及式(2)计算对应序数 N_i 为中心域界。先求素数 p_1 因子对应组:

$$L^{(s)} = N_i = \frac{N_i - (p_1 \times 5)}{N_i + (p_1 \times 5)} = \frac{N_i = 6N_i + n(\text{补数})}{N_i = 6N_i + n(\text{补数})} = L^{(s)} = \frac{M_1}{M_2} \quad (8)$$

求素数 p_2 因子对应组公式:

$$L^{(s)} = N_i = \frac{N_i - (p_2 \times 2)}{N_i + p_2 \times 2} = \frac{N_i = 6N_i + n(\text{补数})}{N_i = 6N_i + n(\text{补数})} = L^{(s)} = \frac{M_1}{M_2} \quad (9)$$

3.1.3计算素数7,11实项原构同因子对应组

设:6列表因子 $7 \times 11 \times n$ 坐标 n , 求平行对应的序数 N_i , 计算素数 $p_1, p_2(7,11)$ 实项原构同因子对应组的序数与间距即列数, 根据表1a及式(2)计算对应序数 N_i 为中心域界。

先求素数 p_1 因子对应组公式:

$$L^{(s)} = N_i = \frac{N_i - (p_1 \times 3)}{N_i + (p_1 \times 3)} = \frac{N_i = 6N_i + n(\text{补数})}{N_i = 6N_i + n(\text{补数})} = L^{(s)} = \frac{M_1}{M_2} \quad (10)$$

求素数 p_2 因子对应组公式:

$$L^{(s)} = N_i = \frac{N_i - (p_2 \times 2)}{N_i + (p_2 \times 2)} = \frac{N_i = 6N_i + n(\text{补数})}{N_i = 6N_i + n(\text{补数})} = L^{(s)} = \frac{M_1}{M_2} \quad (11)$$

因子 11,13 的计算方法同式(3), 其他方法省略。

4 螺旋图谱多种表示形式及其变量研究

直观表三, 实项原构同因子对应组时序坐标在表中存在多处同因子(时序)的交汇时序坐标, 如 $L_{64}^{(1)}$ 是5,7时序坐标第二个螺旋周期结束与第三周期的开始(也可表示时间及天干 12 个时辰或者 24 小时), 同时也是与 5,11; 7,11 的一个交汇时序坐标, 扩大倍数为 $L_{128}^{(2)}$ 亦然, 以此类推同样存在。再如 $L_{75}^{(5)}$; $L_{119}^{(1)}$;

$L_{115}^{(4)}$; $L_{166}^{(5)}$; ...等这些时序交汇坐标, 可预见延伸的时序交汇坐标更多, 如三个虚项原构同因子对应组螺旋分布形式及其他对应形式, 如小素数因子 2,3 时序坐标与对应组螺旋全部在 $L^{(6)}$ 单独列内进行; 2,5; 2,7; 2,11; ...; 在 $L^{(2)}$ $L^{(4)}$ 两列内; 3,5; 3,7; 3,11; ...只能在 $L^{(3)}$ $L^{(6)}$ 两列内进行等, 可表示低级生物螺旋形式, 还有些因子对应组与时序坐标随轴顺时螺、逆时螺等特点, 表现在自然数集(mod6)中这些因子对应组螺旋现象与万千生命、宇宙星系(八大行星)的螺旋有非常相似之处。用因子时序坐标 0 作为中空时序基点开始, 其他时序坐标中心域界上下摆动的摆幅正好可描述星球左右摇摆的动态平衡与自适应平衡状态, 用不同的因子对应组不同的螺旋距离, 模拟预测宇宙万物相互关联相互作用的变化趋势, 计算宇宙万物的数量、质量、能量动态平衡机理的量值, 亦作为构建宇宙万物结构、层次、方法、机理的抽象数码建模的框架应用。

螺旋的因子对应组(表 2、图 1、表 3)蕴藏的理念及可计算的方法, 亦可作为 DNA 碱基(A、T、G、C)排序信息编码的载体研究, 亦可用于其剪接复制与变量获得重复使用规则, 使 DNA 基因复制转录或者类似合成杂交、修复、剪接移植及遗传算法容易找到路径, 其多组因子对应组图谱所包含的巨大潜力与潜在的信息量(库)和丰富潜在数据表达能力, 亦有可能满足 DNA 遗传密码 $\Sigma = A、T、G、C$ 或者更多用于编制蛋白质序列片段或其他基因密码符号的数码载体, 似应用于编制 DNA 序列排序及其他排序。

5 结束语

自然界的一切尤其是生命的遗传信息全部由称为碱基的四种化学小分子(A、T、G、C)记载, 即遗传信息的传递遵循碱基互补的规则: 碱基 A 只能与碱基 T 匹配, 碱基 G 只能与碱基 C 匹配。因此, 根据这一条链的碱基序列就可以确定另一条互补链的碱基序列。本文双重素数因子对应组螺旋对称结构的分布拟似生命遗传称为碱基的四种化学小分子(A、T、G、C), 其四条同构因子螺旋链可记为碱基 A、T; 原构因子螺旋链记为碱基 G、C 或者其他。即因子旋转(似碱基旋转)360°延伸并不影响双重素数因子对应组螺旋结构的对称性, 也不改变它的运行规律。2013 年 1 月英国剑桥大学的科学家, 在《自然 化学》杂志上发表的论文显示, 四螺旋 DNA 结构, 即 G-四联体同样存在于人类基因组中, 首次证实四螺旋 DNA 在人类活体细胞也能形成, 而在人体细胞中确认它们的存在更是真正的里程碑事件。大自然在创作不同物种的基因组时形成的自然规则, 是否表现出与人类发现自然数时相同的规律? 看来毕达哥拉斯或许真是对的: 万物皆数! 数学可能是万物的基础, 数学可能是现实世界和可能世界的核心^[9]。

REFERENCES

- [1] Jiarui Wu."The book of life"Interpretation[J].Science magazine 2003 stage second ,55(2)
- [2] Haiming Xue, Jinggang Zhang.The set of natural numbers(mod6)with primenumber and the factor structure[OL].Sciencepaper Online[2013-03-15] <http://www.paper.edu.cn/releasepaper/content/201303-621>
- [3] Yanfeng Wang,Yongpeng Shen Etc. DNA Codewords design based on improved [J].Journal of Computer Applications Vol.29 No.11 Nov2009 p3056-3058
- [4] Kang Zhou, Xiaojun Tong Etc.The DNA algorithm based on surface paths ordering problem[J]Journal of Huazhong University of Science and Technology No8 2005
- [5] Xili Huang, mingming Qiu, Etc. Classification Modeling of DNA Array Based on Distance Discriminating[J]Journal of The Academy of equipment command technology Vol15 No4 August 2004 p101-104
- [6] Haiming Xue, Xing Xue. "Natural number was counting on"[M]. Shanxi science and Technology Press Taiyuan, August, 2013, p342-379
- [7] Haiming Xue, Jinggang Zhang. Overview "The original count of natural numbers" Haiming Xue the sieve method. This paper appears in. Computer Science and Service System (CSSS2011) volume2, pp1456-1465
- [8] Shuchun Guo. traditional mathematics of China and Mathematics Mechanization[J]. Journal of Qufu Normal University Vol32 No3, July 2004, p1-9

[9] Ningxiang Hao. DNA Computr:Blend of mathematics and life[J]. Studies in Dialectics of nature, Vol16, No10, Nov, 2000, p30-24

【作者简介】



薛海明（1942-），男，汉，长子县应用数理研究所名誉所长，主要从事数理基础及数论基础研究，出版专著《自然数原本数论》。



张景刚（1957-），男，汉，工程师，长子县应用数理研究所所长，主要从事数论基础及数理基础研究。

Email: Zhangyi828282@126.com