

Xavier biologiste et... magicien

S'il est un domaine de la TGS que Xavier a beaucoup travaillé dans le cadre de l'établissement d'une correspondance entre réalité physique et virtualité mathématique, c'est bien celui de la biologie et plus spécialement du code génétique et de la bio-arithmétique. Ce serait donc un affront de ne pas évoquer ici ses recherches et ses travaux dans un des domaines principaux d'application de la TGS qui a été longuement étudié par plusieurs membres du groupe. Xavier avait déjà dans les années septante produit de nombreux documents relatifs à cet isomorphisme entre la manière dont les codons se regroupent par rapport aux acides aminés et celle dont les nombres entiers se regroupent autour des nombres premiers et ce, en vertu de l'ajustage ontologique entre réalité physique et virtualité mathématique attestée, selon lui, dès le départ par le couplage nominal entre le quantum d'action et la constante de Planck.

Certains ont en mémoire le cube que Xavier avait fabriqué grandeur nature à Béna et dans lequel il se déplaçait pour marquer les cases qu'il parcourait les unes après les autres afin de faire correspondre à chacun des 64 codons, un nombre entier entre 0 et 63. Je dois vous avouer que j'aurais bien aimé être présent ce jour-là pour le voir progresser en rampant dans son cube ! Ma présentation sera donc plus technique que les précédentes étant donné que je vais essayer de vous faire découvrir ses conclusions mais aussi la manière dont il progressait dans son raisonnement pour aboutir à un résultat qui quelque part était, par avance, connu de lui.

Groupe Béna

Xavier Sallantin, le biologiste (et le code génétique) et le magicien ...

Figure 29
DEROULEMENT CIRCULAIRE DU RUBAN DES DEUX HELICES

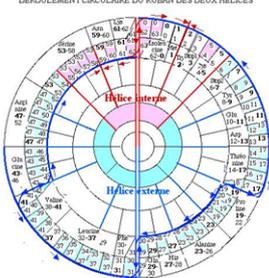
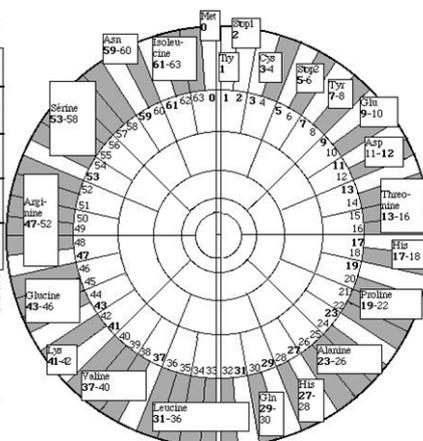


Figure 18 : Table de numérotage des codons effectuée par l'ADN

1ère Base	Deuxième Base				3ème base
U=00	C=01	A=10	G=11	U=00	C=01
Phe	Ser	Tyr	Cys	U=00	C=01
Phe	Ser	Tyr	Cys	A=10	G=11
Leu	Ser	Stop 2	Stop 1	A=10	G=11
Leu	Ser	Stop 2	Stop 1	U=00	C=01
Leu	Pro	His	Arg	A=10	G=11
Leu	Pro	Gln	Arg	A=10	G=11
Leu	Pro	Gln	Arg	U=00	C=01
Ile	Thr	Asn	Ser	C=01	G=11
Ile	Thr	Lys	Arg	A=10	G=11
Met	Thr	Lys	Arg	C=01	G=11
Val	Ala	Asp	Gly	U=00	C=01
Val	Ala	Asp	Gly	C=01	G=11
Val	Ala	Glu	Gly	A=10	G=11
Val	Ala	Glu	Gly	G=11	C=01

Nota. Le codage numérique indique sur cette table, implicitement adopté par les biologistes pour son établissement en arithmétique univoque, n'est pas n'est pas le codage que pratique la Nature en arithmétique équivoque.

Figure 19 : Schématisation approchée du crible d'Ératosthène pratiqué par la Nature



Nous avons donc analysé en détails les documents produits par Xavier, vous en voyez d'ailleurs quelques-uns sur ce slide. Vous pouvez ainsi vous rendre compte de la créativité, de l'imagination, de la patience mais aussi du sérieux et du détail avec lesquels Xavier tentait d'expliquer ses raisonnements par des graphiques et schémas dont la richesse nous a toujours émerveillés. Mais force est de constater que nous n'avons jamais réussi à percevoir

clairement à 100% sa logique et à le suivre pas à pas dans ses raisonnements parfois si complexes. Il n'en demeure pas moins que ses travaux ont stimulé notre curiosité et que faisant l'impasse sur des aspects qui nous restent obscurs et des vides, voire des erreurs dans son raisonnement, nous avons pu découvrir des choses étranges et interpellantes que je vous propose de découvrir à votre tour. Nous allons procéder en 5 étapes, mais au préalable un court rappel de quelques notions élémentaires est indispensable.

Groupe Béna

Conviction fondamentale de Xavier

Il existe un isomorphisme entre la manière dont les
 64 codons sont reliés
 aux 22 acides aminés
 et la manière dont les
 64 premiers nombres entiers sont reliés
 aux 22 premiers nombres premiers
 et ce
 en vertu de l'ajustage ontologique
 entre réalité physique et idéalité mathématique
 (ou entre signifiant et signifié)
 attesté dès le départ par le couplage nominal
 entre le quantum d'action et la constante de Planck

Dans la fabrication des protéines de la vie, les acides aminés sont enchaînés selon une séquence particulière qui est codée dans l'ADN du noyau de la cellule. La 1ère phase consiste en une transcription du gène à l'intérieur du noyau en ARNm. A la base T de l'ADN correspond la base A de l'ARNm et ainsi de suite. La 2ème phase consiste en une traduction, via le ribosome, de cet ARNm en une séquence d'acides aminés portés par l'ARN de transfert. Ceux-ci sont alors enfilés comme des perles sur la chaîne formant la protéine selon la séquence des codons de l'ARNm.

1ère étape donc : en faisant coïncider les valeurs A-G-C-U de ces fameuses bases formant des triplets (les codons) de l'ARN, aux nombres entiers 3-2-0-1, nous pouvons donner à chaque codon ou triplet formé de 3 bases parmi ces 4, une valeur entre 0 et 63 ($3*16+3*4+3*1$). En faisant cela pour les 64 codons, nous obtenons le tableau suivant.

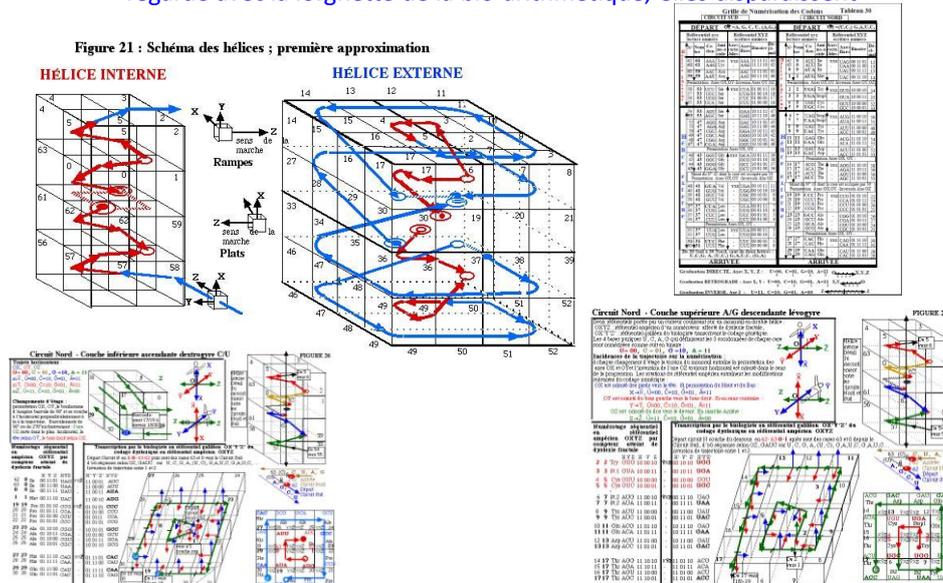
22 acides aminés		A = 3 G = 2 C = 1 U = 0									
1NS	Sélicocystéine	1NS	UGA	→	$0*16+2*4+3*1$	→	11				
1 TRY	Tryptophane	1 TRY	UGG		001011		10				
1 MET	Méthionine	1 MET	AUG	→	$3*16+0*4+2*1$	→	50				
2NS	Pyrrylisine	2NS	UAA UAG		110010		15	14			
2CYS	Cystéine	2CYS	UGC UGU		AGA AGG		9	8	59	58	
2TYR	Tyrosine	2TYR	UAC UAU				13	12			
2GLU	Acide glutamique	2GLU	GAA GAG				47	46			
2ASP	Acide aspartique	2ASP	GAC GAU				45	44			
2HIS	Histidine	2HIS	CAC CAU		AGC AGU		29	28	57	56	
2GLN	Glutamine	2GLN	CAA CAG				31	30			
2PHE	Phénylalanine	2PHE	UUC UUU				1	0			
2LYS	Lysine	2LYS	AAA AAG				63	62			
2ASN	Asparagine	2ASN	AAC AAU		MUA UUG		61	60	3	2	
3ILE	Isoleucine	3ILE	AUA AUC AUU	→	AUG		51	49	48	50	
4THR	Thréonine	4THR	ACA ACC ACG ACU				55	53	54	52	
4PRO	Proline	4PRO	CCA CCC CCG CCU				23	21	22	20	
4ALA	Alanine	4ALA	GCA GCC GCG GCU				39	37	38	36	
4VAL	Valine	4VAL	GUA GUC GUG GUU				35	33	34	32	
4GLY	Glycine	4GLY	GGA GGC GGG GGU				43	41	42	40	
6LEU	Leucine	6LEU	CUA GUC CUG CUU	→	UUA UUG		19	17	18	16	3 2
6ARG	Arginine	6ARG	AGA AGG CGA CGC CGG CGU				59	58	27	25	26 24
6SER	Sérine	6SER	AGC AGU UCA UCC UCG UCU				57	56	7	5	6 4

A ce stade, nous pourrions relever 2 inconsistances par rapport à ce qu'affirme Xavier car nous ne voyons pas les nombres entiers se regrouper autour des nombres premiers comme les codons autour des acides aminés qui leur correspondent et de plus, 4 couples de nombres ne semblent pas à leur place dans les différentes séries constituées. 4 exceptions, donc.

2ème étape : en réalité, les inconsistances, pour Xavier, ne sont qu'apparentes car il faut en fait "raisonner" comme un être de la biosphère et non de la noosphère. Selon la TGS de Xavier, cela signifie que dans la biosphère de même que dans la bioarithmétique, là où il n'est pas possible de distinguer entre la montée ou la descente dans des niveaux de conscience et donc de distinguer des nombres de leurs multiples, il faut s'affranchir d'une noarithmétique propre à l'être pensant. Il faut donc se déprogrammer pour raisonner autrement et c'est bien là un des aspects les plus séduisants et original de l'approche de Xavier. Apprendre à s'affranchir de nos modes de raisonnements conventionnels.

Groupe Béna

Pour Xavier, les « incohérences » relevées ci-avant ne sont qu'apparentes car conditionnées par notre regard de noo-arithméticien alors que si on les regarde avec la louvette de la bio-arithmétique, elles disparaissent



Selon ce raisonnement logique illustré par quelques graphiques et tableaux de Xavier présentés ici, Xavier parvient à montrer qu'en appliquant les règles propres à la biosphère, les nombres entiers se regroupent, comme par magie, autour des nombres premiers selon une configuration isomorphe et cohérente à celle dont les codons se regroupent autour des acides aminés comme vous pouvez le constater sur les 2 nouveaux tableaux présentés sur ce slide.

3è étape cependant, en regardant bien ces 2 tableaux, nous constatons que 4 nombres ne sont pas des nombres premiers. C'est là que l'on aperçoit la magie de Xavier car il rajoute aux nombres premiers, les nombres $0, 1, 3^2 = 9$ et $3^3 = 27$, les 4 nombres de base, 0, 1, 2 et 3 étant des nombres "sacrés" ou "premiers" dans la théorie de Xavier. A nouveau 4 exceptions. En prenant ces 4 nombres, plus les nombres purement premiers, nous avons dès lors 22 bio-nombres de même que nous avons 22 acides aminés; les 2 tableaux sont isomorphes. Evidemment la question est : quelle est la valeur scientifique d'une telle approche basée sur la similitude et l'analogie, méthode que Xavier emploie très souvent ?

En résulte alors un isomorphisme parfait

Abrév.	acide aminé	64 codons ou triplets						
22 acides aminés								
1NS	1	Sélocystéine	UGA					
1 TRY	2	Tryptophane	UGG					
1 MET	3	Méthionine	AUG					
2NS	4	Pyrrolysine	UAA	UAG				
2CYS	5	Cystéine	UGC	UGU				
2TYR	6	Tyrosine	UAC	UAU				
2GLU	7	Acide glutamique	GAA	GAG				
2ASP	8	Acide aspartique	GAC	GAU				
2HIS	9	Histidine	CAC	CAU				
2GLN	10	Glutamine	CAA	CAG				
2PHE	11	Phénylalanine	UUC	UUU				
2LYS	12	Lysine	AAA	AAG				
2ASN	13	Asparagine	AAC	AAU				
3ILE	14	Isoleucine	AUA	AUC	AUU			
4THR	15	Thréonine	ACA	ACC	ACG	ACU		
4PRO	16	Proline	CCA	CCC	CCG	CCU		
4ALA	17	Alanine	GCA	GCC	GCG	GCU		
4VAL	18	Valine	GUA	GUC	GUG	GUU		
4GLY	19	Glycine	GGA	GGC	GGG	GGU		
6LEU	20	Leucine	UUA	UUG	CUA	CUC	CUG	CUU
6ARG	21	Arginine	AGA	AGG	CGA	CGC	CGG	CGU
6SER	22	Sérine	AGC	AGU	UCA	UCC	UCG	UCU

Abrév.	acide aminé	64 nombres (0 à 63)						
22 acides aminés								
1NS	1	Sélocystéine	0					
1 TRY	2	Tryptophane	1					
1 MET	3	Méthionine	2					
2NS	4	Pyrrolysine	3	4				
2CYS	5	Cystéine	5	6				
2TYR	6	Tyrosine	7	8				
2GLU	7	Acide glutamique	9	10				
2ASP	8	Acide aspartique	11	12				
2HIS	9	Histidine	17	18				
2GLN	10	Glutamine	27	28				
2PHE	11	Phénylalanine	29	30				
2LYS	12	Lysine	41	42				
2ASN	13	Asparagine	59	60				
3ILE	14	Isoleucine	61	62	63			
4THR	15	Thréonine	13	14	15	16		
4PRO	16	Proline	19	20	21	22		
4ALA	17	Alanine	23	24	25	26		
4VAL	18	Valine	37	38	39	40		
4GLY	19	Glycine	43	44	45	46		
6LEU	20	Leucine	31	32	33	34	35	36
6ARG	21	Arginine	47	48	49	50	51	52
6SER	22	Sérine	53	54	55	56	57	58

4^e étape : ceci ne doit cependant pas nous arrêter et poussant plus loin les intuitions de Xavier, nous pouvons nous demander pourquoi il y a 22 bio-nombres alors qu'il y a 64 noo-nombres. Souvenons-nous que dans la biosphère de même que dans la bioarithmétique, il n'est pas possible de distinguer entre la montée ou la descente dans des niveaux de conscience et donc de distinguer des nombres de leurs multiples, on pourrait dire, le haut et le bas. Cependant dans la biosphère et donc en bio-arithmétique, il est possible de distinguer la gauche de la droite (rupture de symétrie). On s'aperçoit alors que la suite IIIIII en nooarithmétique vaut 63 (1+2+4+8+16+31) (on monte dans les différents étages successifs des multiples de deux au fur et à mesure du calcul de la somme totale), et qu'elle vaut 21 en bioarithmétique (1+2+3+4+5+6) (on se déplace simplement vers la gauche d'une unité supplémentaire au fur et à mesure du calcul de la somme totale). Nous obtenons donc bien 22 bio-nombres, de 0 à 21, par rapport à 64 noo-nombres, de 0 à 63.

5^e étape : poussant à l'extrême la démarche de Xavier concernant les capacités de comptage dans la protosphère, là où la distinction n'est pas possible entre gauche et droite mais où il est possible de distinguer le 0 du I (rupture de symétrie), on dénombre alors 7 proto-nombres, de 0 à 6 puisque IIIIII = 1+1+1+1+1+1=6 (on se déplace au fur et à mesure du calcul de la somme totale, mais sans noter de différence entre les valeurs). Constatons que du côté gauche du tableau, nous trouvons également 7 ensembles regroupant les 22 acides aminés.

**En poursuivant le travail de Xavier, nous arrivons à la constatation que
la bio-arithmétique nous donne bien
22 bio-nombres pour 64 nombres en noo-arithmétique
comme la biologie nous donne bien
22 acides aminés pour 64 codons**

Abbrév.	Nom de l'acide aminé	22 acides aminés	22 bio-nombres ou 22 nbres semi-premiers	7 proto-nombres	22 bio-nombres	64 noo-nombres
		22 19 9 8 3 3	22 19 9 8 3 3	0 à 6	0 à 21	0 à 63
		3 20 3 20 18	3 20 3 20 18			
1	Sélenocystéine	UGA	1	0	000000-0	000000-0
2	Tryptophane	UGG	3 combinaisons de 1	1	000001-1	000001-1
3	Méthionine	AUG	3	2	000010-2	000010-2
4	Pyrolysine	UAA UAG	10 combinaisons de 2	3 4	000011-1+2	000011-1+2-3
5	Cystéine	UGC UGU	20	5 6 20		
6	Tyrosine	UAC UAU		7 8		
7	Acide glutamique	GAA GAG		9 10		
8	Acide aspartique	GAC GAU		11 12		
9	Histidine	CAC CAU		17 18	000100-1+1-2	000100-3+4-7
10	Glutamine	CAA CAG		27 28		001100-4+8-12
11	Phénylalanine	UUC UUU		29 30		
12	Lysine	AAA AAG		41 42		
13	Asparagine	AAC AAU		59 60		
14	Isoleucine	AUA AUC AUU	1 combinaison de 3	61 62 63	101100-1+1+1-3	101100-3+4+6-13
15	Thréonine	ACA ACC ACG ACU	5 combinaisons	13 14 15 16		101100-4+8+32-48
16	Proline	CCA CCC CCG CCU	de 4	19 20 21 22		
17	Alanine	GCA GCC GCG GCU	20	23 24 25 26 20		
18	Valine	GUA GUC GUG GUU		37 38 39 40		
19	Glycine	GGA GGC GGG GGU		43 44 45 46		
20	Leucine	UUA UUG CUA CUC CUG CUU	3 combinaisons	31 32 33 34 35 36	3 combinaisons	
21	Arginine	AGA AGG CGA CGC CGG CGU	de 6	47 48 49 50 51 52	de 6	11110-2+4+8+16+32-62
22	Sérine	AGC AGU UCA UCC UCG UCU	18	53 54 55 56 57 58 18	de 6	11111-1+2+3+4+5+6-21
						11111-1+2+4+8+16+32-63

Ces quelques slides vous ont montré, je l'espère, par cet exemple, tout l'acharnement mais aussi la méthodologie et l'imagination déployées par Xavier pour étayer sa Théorie et tenter de montrer comment elle pouvait s'appliquer dans un domaine bien particulier, celui de la biosphère. Vous avez pu également voir de la sorte un aperçu du type de travaux que le groupe a poursuivis dans le prolongement des recherches de Xavier.