

NUMEROTATION NATURELLE DES ACIDES AMINES

LE POINT SUR LES INVESTIGATIONS DU GROUPE BENA

Le code génétique atteste d'une numérotation naturelle qui désigne chaque acide aminé par un ou plusieurs codons synonymes (voir ANNEXE 1). A quelques exceptions près, tous les organismes vivants connus utilisent la même « numérotation ». La logique de cette numérotation est en débat depuis 50 ans. Certains, comme J. Monod privilégie le hasard (F.H. Crick parle de « frozen accident »), d'autres cherchent à comprendre comment ce code a été sélectionné par la nature. Les études les plus avancées dans ce sens tentent de montrer que la sélection naturelle a privilégié le code qui résiste le mieux aux erreurs de lecture¹ (attribuer plusieurs N° au même acide augmente les chances de le trouver). Enfin certains font l'hypothèse d'une logique sous-jacente d'ordre arithmétique. C'est la piste empruntée par Xavier Sallantin dès 1970² et que le Groupe Béna cherche depuis 4 ans à valider ou à infirmer : les organismes vivants utiliseraient une arithmétique avec un degré d'équivocité que n'a pas l'arithmétique humaine.

Où en est le groupe Béna dans la compréhension de cette bio-arithmétique et de son application au codage génétique ? Cette note tente de faire le point.

Nous avons en effet :

1. Essayer sans succès de valider la démonstration originale de Xavier, dite du « **singe codeur** » d'une cage faite de 64 cubes.
2. Imaginé une variante la « **quantification ordinale d'Alain Bruyère** »
3. Apporté des arguments sur le rôle des puissances de trois en analysant la « **balance du Nabatéen** »

LES HYPOTHESES DE XAVIER

Elles sont exposées dans son livre le « Pas du sens » pages 150 à 153 : « L'indétermination se produit du fait de l'indécidabilité en Bioarithmétique entre la multiplication et la division. ». Ce qui le conduit, d'après mon analyse, à faire trois postulats :

1. « postuler que la Bioarithmétique est une arithmétique où seuls les **nombre premiers** sont des cardinaux univoques ». *Hypothèse des premiers (c'est moi qui souligner et baptise ces hypothèses)*
2. « Que les Numéros des codons qui **dans la séquence suivent** immédiatement un nombre premier sont semblables à ces numéros bis, ter, quater, etc qu'on attribue à des maisons nouvelles qui s'intercalent en supplément entre deux immeubles anciens ». *Hypothèse de la suite*
3. « Qu'il n'y a qu'un seul moyen de rendre parfaite la correspondance (*entre les intervalles entre nombres premiers et les nombres de codons équivalents*). Il faut faire jouer aux **nombre 9 et 27** le même rôle qu'aux nombres premiers » (*ainsi qu'au nombre 0 ou 64*). *Hypothèse du triplet [0,9,27]*

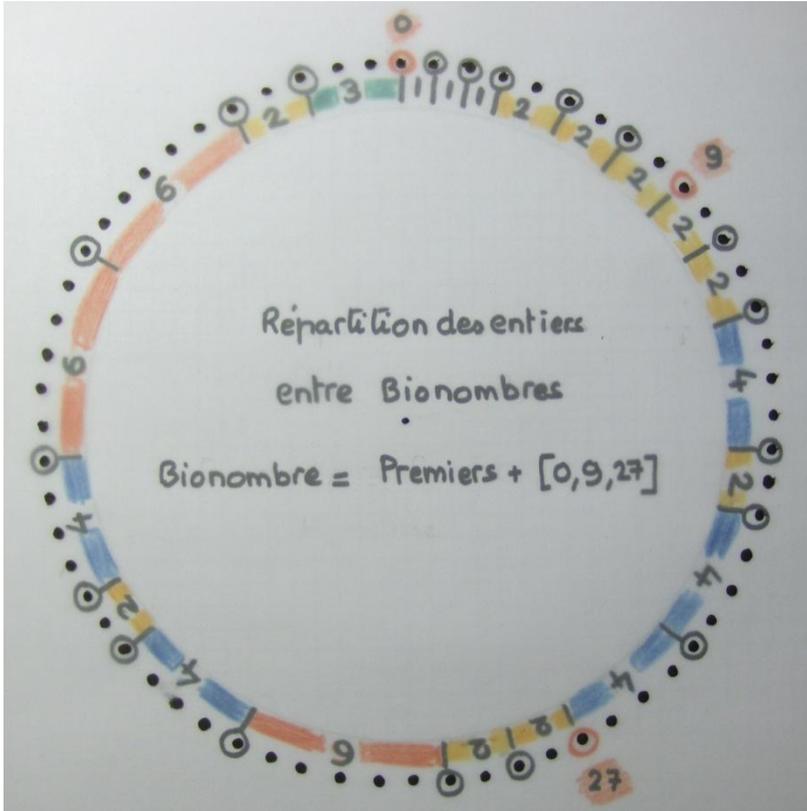
¹ Voir par exemple les travaux de Tsvi Tlusty Jean-Pierre Eckmann cités par La Recherche –octobre 2008 p.25 -

<http://www.larecherche.fr/content/recherche/article?id=23941> et <http://www.weizmann.ac.il/complex/tlusty/papers/JTheoBio2007.pdf>

² Xavier Sallantin - Le pas du sens - p 148 à 160

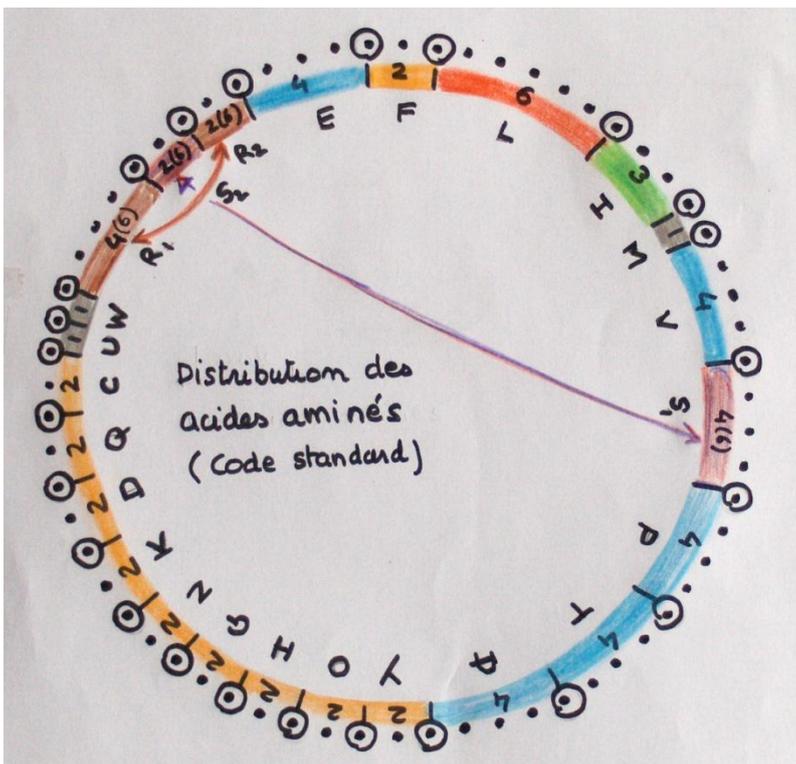
ANALYSE DES HYPOTHESES DE XAVIER

En ajoutant le triplet [0,9,27] aux 19 nombres premiers inférieurs à 64 (1 compris), on obtient bien une correspondance entre les intervalles entre ces 22 « bio nombres » et les nombres de codons équivalents.



Degré de redondance	Nbr. d'Acides concernés	Nbr. de Nombres concernés
1	3	3
2	10	10
3	1	1
4	5	5
5	0	0
6	3	3
	22	22

Mais la correspondance n'est pas « parfaite » car les séquences de numéros ne se suivent pas dans le même ordre que les acides aminés du tableau standard, qui comporte la coupure en 4+2 des 6 codons synonymes de la Sérine et de l'Arginine :



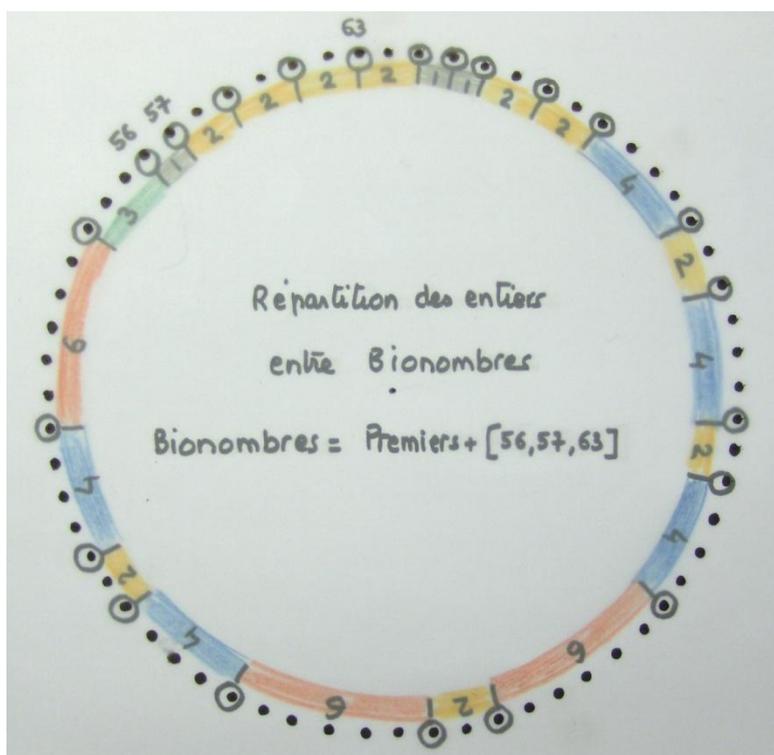
Elle n'est pas non plus « unique » : il y a effet 672 triplets [cf. Annexe 2] que l'on peut rajouter aux 19 nombres premiers pour obtenir la correspondance entre les 22 « acides » et 22 « bio-nombres ».

Exemple : [56,58,63]

Malgré ce grand nombre de combinaisons, il n'y en a aucune qui coïncide exactement avec la distribution des acides aminés à cause des deux irrégularités signalées ci-dessus.

De ce point de vue le triplet [0,9,27] n'est ni pire ni meilleur que les autres.

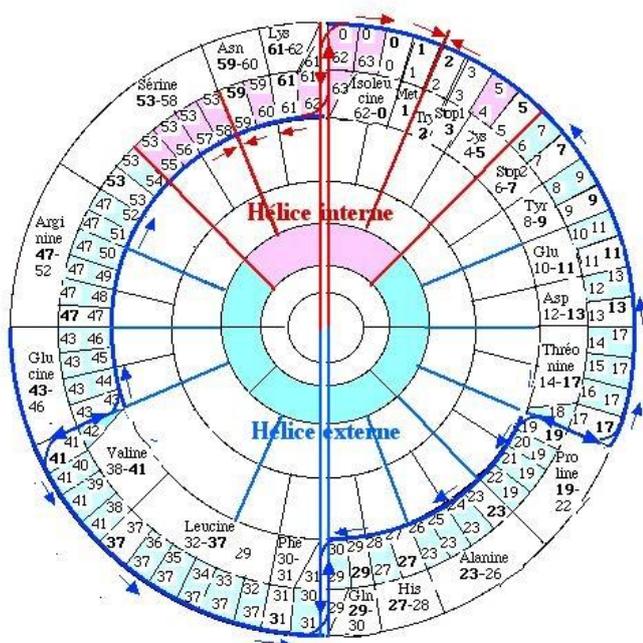
Pour « loger » les acides sur ce cercle, Xavier Sallantin introduit me semble-t-il une quatrième hypothèse qui infirme en partie son hypothèse N°2 : les codons synonymes suivent **ou précèdent** un bionombre. Le cercle peut être parcouru dans un sens ou dans l'autre. Et une cinquième hypothèse : la lecture du cercle peut **emprunter les rayons du cercle**. Dans sa démonstration³ ces changements de sens et ces sauts sont justifiés par la nécessité de respecter des symétries de parcours dans les hélices interne et externe de la cage à 64 cubes.



Le résultat est décevant : les N° 18 et 42 ne sont attribués à aucun codon, et les N°30 et 62 à chacun deux codons qui désignent deux acides différents.

Figure 29

DÉROULEMENT CIRCULAIRE DU RUBAN DES DEUX HÉLICES

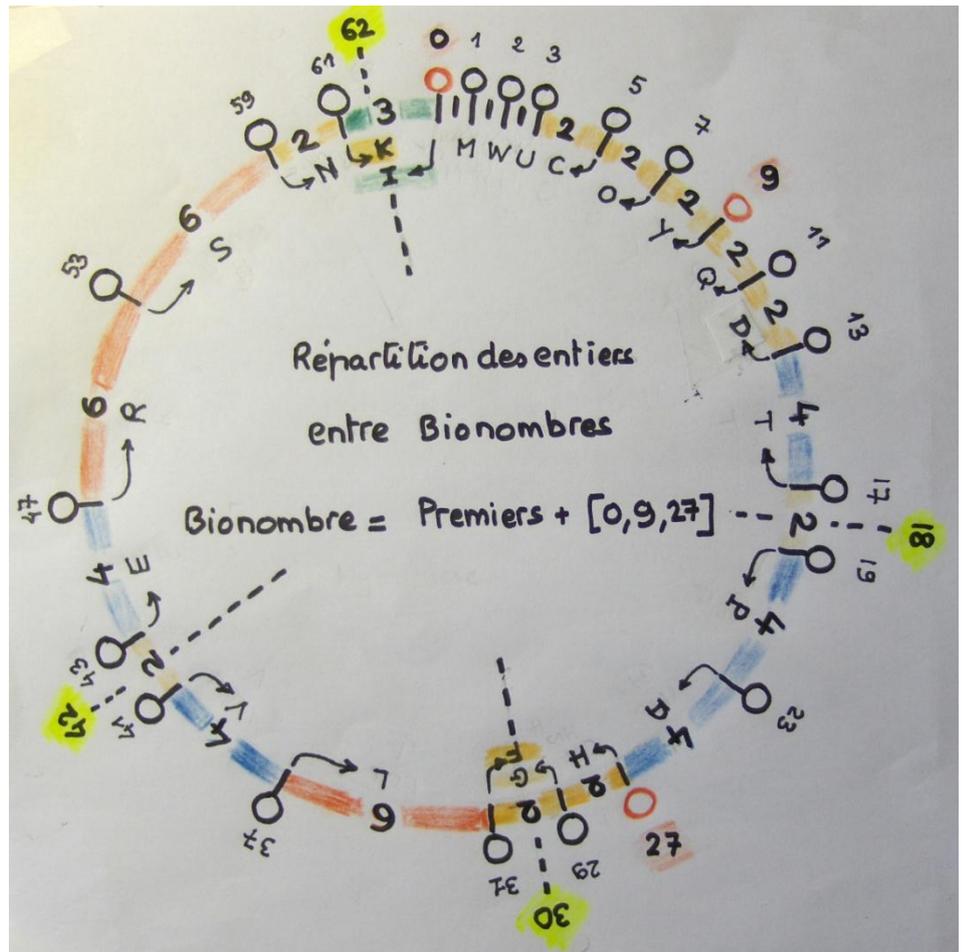


N° des codons	Acides
1	Met M
2	Trp W
3	Sec U
4,5	Cys C
6,7	Pyl O
8,9	Tyr Y
10,11	Glu Q
12,13	Asp D
14,15,16,17	Thr T
19,20,21,22	Pro P
23,24,25,26	Ala A
27,28	His H
29,30	Gln G
30,31	Phe F
32,33,34,35,36,37	Leu L
38,39,40,41	Val V
43,44,45,46	Gly E
47,48,49,50,51,52	Arg R
53,54,55,56,57,58	Ser S
59,60	Asn N
61,62	Lys K
62,63,0	Ile I

³ Application de la TNN au codage génétique – 14 mai 2004 - http://www.groupebena.org/article.php3?id_article=33

Autre représentation de la figure 29

On voit en particulier que le codon N°62 code soit K, un acide de redondance 2, soit I, un acide de redondance 3.



LES HYPOTHESES DE LA QUANTIFICATION ORDINALE D'ALAIN

Suite binaire sur 6 digits de droite à gauche	Interprétation de droite à gauche en somme ordinal ordinaire	Interprétation de droite à gauche par 3x2digits	Traduction en 3xBases	Acide	Redon dance
000000	0	000	UUU	Phe	2
000001	1	100	UUC	Phe	2
000010	2	200	UUA	Leu	6
000011	3	300	UUG	Leu	6
000100	3	010	UCU	Ser	6
000101	4	110	UCC	Ser	6
001000	4	020	UAU	Tyr	2
000110	5	210	UCA	Ser	6
001001	5	120	UAC	Tyr	2
010000	5	001	CUU	Leu	6
000111	6	310	UCG	Ser	6
001010	6	220	UAA	Pyl	2
010001	6	101	CUC	Leu	6
100000	6	002	AUU	Ile	3
001011	7	320	UAG	Pyl	2
001100	7	030	UGU	Cys	2
010010	7	201	CUA	Leu	6
100001	7	102	AUC	Ile	3
001101	8	130	UGC	Cys	2
010011	8	301	CUG	Leu	6
010100	8	011	CCU	Pro	4
100010	8	202	AUA	Ile	3
001110	9	230	UGA	Sec	1
010101	9	111	CCC	Pro	4
011000	9	021	CAU	His	2
100011	9	302	AUG	Met	1
100100	9	012	ACU	Thy	4
001111	10	330	UGG	Trp	1
010110	10	211	CCA	Pro	4
011001	10	121	CAC	His	2
100101	10	112	ACC	Thy	4
101000	10	022	AAU	Asn	2
010111	11	311	CCG	Pro	4
011010	11	221	CAA	Gln	2
100110	11	212	ACA	Thy	4
101001	11	122	AAC	Asn	2
110000	11	003	GUU	Val	4
011011	12	321	CAG	Gln	2
011100	12	031	CGU	Arg	6
100111	12	312	ACG	Thy	4
101010	12	222	AAA	Lys	2
110001	12	103	GUC	Val	4
011101	13	131	CGC	Arg	6
101011	13	322	AAG	Lys	2
101100	13	032	AGU	Ser	6
110010	13	203	GUA	Val	4
011110	14	231	CGA	Arg	6
101101	14	132	AGC	Ser	6
110011	14	303	GUG	Val	4
110100	14	013	GCU	Ala	4
011111	15	331	CGG	Arg	6
101110	15	232	AGA	Arg	6
110101	15	113	GCC	Ala	4
111000	15	023	GAU	Asp	2
101111	16	332	AGG	Arg	6
110110	16	213	GCA	Ala	4
111001	16	123	GAC	Asp	2
110111	17	313	GCG	Ala	4
111010	17	223	GAA	Glu	2
111011	18	323	GAG	Glu	2
111100	18	033	GGU	Gly	4
111101	19	133	GGC	Gly	4
111110	20	233	GGA	Gly	4
111111	21	333	GGG	Gly	4

Dans ses articles de 2004⁴ Alain Bruyère insiste sur ce que « Dans la bio-arithmétique en effet, c'est bien l'ordre de succession dans lequel se présente les individus qui est important, donc si un chiffre se présente le 1^{er} au guichet, cet individu recevra la valeur 1, si un chiffre se présente en 2^{ème} lieu au guichet, il aura la valeur 2 etc. », et il montre que « en appliquant la bioarithmétique où 000000 vaut 0 et 111111 vaut 21 (et par ex 101010 vaut 12), nous retrouvons bien 22 valeurs distinctes, de 0 à 21 »

« De plus en donnant à A-C-G-U les valeurs en bioarithmétique 11-01-10-00 (soit 3-1-2-0), nous retrouvons à 4 exceptions près, que les triplets et les groupes de triplets, se présentent avec une régularité extraordinaire ».

Cette façon de compter a de nouveau été présentée au Groupe Béna en juillet 2008 et elle a été enrichie par ses membres⁵

ANALYSE DES HYPOTHESES D'ALAIN

On montre⁶ en effet que si l'on code sur **une suite de 6 digits** qui peuvent prendre la valeur 0 ou 1, un bio-compteur ordinal tel qu'imaginé par Alain ne distingue que **22 valeurs différentes** (tableau ci-contre), là où un compteur humain peut discerner 64 valeurs en utilisant la numération binaire (avec les puissances de 2)

- 0,1,2,19,20 et 21 (6 valeurs) ne sont codés que par une suite,
- 3, 4, 17 et 18 (4 valeurs) sont codés par 2 suites,
- 5 et 16 (2 valeurs) sont codés par 3 suites
- 6, 7, 8,13,14,15 (6 valeurs) sont codés par 4 suites,
- 9,10,11,12 (4 valeurs) sont codés par 5 suites

Cette répartition des redondances est très différente de celle des codons.

⁴ Voir : http://www.groupebena.org/article.php3?id_article=23 et http://www.groupebena.org/article.php3?id_article=25

⁵Articles 153 et 152

⁶ Voir Tableau « Interprétation d'une suite de 6 digits en quantification ordinaire »

La « régularité extraordinaire » n'apparaît que si on classe les codons par leur numérotation décimale univoque :

Nombres décimaux	Suite binaire sur 6 digits de droite à gauche	Interprétation de droite à gauche en sommation ordinale	Interprétation de droite à gauche par 3x2digits	Traduction en 3xBases	Acide	Redondance
0	000000	0	000	UUU	Phe	2
1	000001	1	100	UUC	Phe	2
2	000010	2	200	UUA	Leu	6
3	000011	3	300	UUG	Leu	6
4	000100	3	010	UCU	Ser	6
5	000101	4	110	UCC	Ser	6
6	000110	5	210	UCA	Ser	6
7	000111	6	310	UCG	Ser	6
8	001000	4	020	UAU	Tyr	2
9	001001	5	120	UAC	Tyr	2
10	001010	6	220	UAA	Pyl	2
11	001011	7	320	UAG	Pyl	2
12	001100	7	030	UGU	Cys	2
13	001101	8	130	UGC	Cys	2
14	001110	9	230	UGA	Sec	1
15	001111	10	330	UGG	Trp	1
16	010000	5	001	CUU	Leu	6
17	010001	6	101	CUC	Leu	6
18	010010	7	201	CUA	Leu	6
19	010011	8	301	CUG	Leu	6
20	010100	8	011	CCU	Pro	4
21	010101	9	111	CCC	Pro	4
22	010110	10	211	CCA	Pro	4
23	010111	11	311	CCG	Pro	4
24	011000	9	021	CAU	His	2
25	011001	10	121	CAC	His	2
26	011010	11	221	CAA	Gln	2
27	011011	12	321	CAG	Gln	2
28	011100	12	031	CGU	Arg	6
29	011101	13	131	CGC	Arg	6
30	011110	14	231	CGA	Arg	6
31	011111	15	331	CGG	Arg	6
32	100000	6	002	AUU	Ile	3
33	100001	7	102	AUC	Ile	3
34	100010	8	202	AUA	Ile	3
35	100011	9	302	AUG	Met	1
36	100100	9	012	ACU	Thy	4
37	100101	10	112	ACC	Thy	4
38	100110	11	212	ACA	Thy	4
39	100111	12	312	ACG	Thy	4
40	101000	10	022	AAU	Asn	2
41	101001	11	122	AAC	Asn	2
42	101010	12	222	AAA	Lys	2
43	101011	13	322	AAG	Lys	2
44	101100	13	032	AGU	Ser	6
45	101101	14	132	AGC	Ser	6
46	101110	15	232	AGA	Arg	6
47	101111	16	332	AGG	Arg	6
48	110000	11	003	GUU	Val	4
49	110001	12	103	GUC	Val	4
50	110010	13	203	GUA	Val	4
51	110011	14	303	GUG	Val	4
52	110100	14	013	GCU	Ala	4
53	110101	15	113	GCC	Ala	4
54	110110	16	213	GCA	Ala	4
55	110111	17	313	GCG	Ala	4
56	111000	15	023	GAU	Asp	2
57	111001	16	123	GAC	Asp	2
58	111010	17	223	GAA	Glu	2
59	111011	18	323	GAG	Glu	2
60	111100	18	033	GGU	Gly	4
61	111101	19	133	GGC	Gly	4
62	111110	20	233	GGA	Gly	4
63	111111	21	333	GGG	Gly	4

Jacques Malbrancke, en codant sur plus de 6 digits, a constaté que la distribution des redondances se rapproche de celle des codons. Voici ce que cela donne sur 7 digits :

0,1,2 (3 valeurs) ne sont codés que par une séquence (**comme pour le codage génétique**)
3 et 4 (2 valeurs) sont codés par 2 séquences,
5 (1 valeur) est codé par 3 séquences (**comme pour le codage génétique**)
6 (1 valeur) est codé par 4 séquences,
7 et 21 (2 valeurs) sont codés par 5 séquences

Pour être exhaustif, il faut coder sur 22 digits. Voici les résultats obtenus par Michel Nguyen Thé :

0,1,2 (3 valeurs) ne sont codés que par une séquence (**comme pour le codage génétique**)
3 et 4 (2 valeurs) sont codés par 2 séquences,
5 (1 valeur) est codé par 3 séquences (**comme pour le codage génétique**)
6 (1 valeur) est codé par 4 séquences,
7 (1 valeur) est codé par 5 séquences
8 (1 valeur) est codé par 6 séquences
9 (1 valeur) est codé par 8 séquences
10 (1 valeur) est codé par 10 séquences
11 (1 valeur) est codé par 12 séquences
12 (1 valeur) est codé par 15 séquences
13 (1 valeur) est codé par 18 séquences
14 (1 valeur) est codé par 22 séquences
15 (1 valeur) est codé par 27 séquences
16 (1 valeur) est codé par 32 séquences
17 (1 valeur) est codé par 38 séquences
18 (1 valeur) est codé par 46 séquences
19 (1 valeur) est codé par 54 séquences
20 (1 valeur) est codé par 64 séquences
21 (1 valeur) est codé par 76 séquences
22 (1 valeur) est codé par 89 séquences

Nous sommes toujours loin du codage génétique

CONCLUSIONS ET PISTES POUR LA SUITE

	L'hypothèse de Xavier Nombres premiers et puissances de trois	L'hypothèse d'Alain Quantification ordinaire sur 6 digits
Accord avec le nombre d'acides	Oui	Oui
Accord sur le nbr de redondances	Oui	Non
Unicité	Non	Oui
Justification aisée	Pas vraiment	Oui

L'hypothèse de Xavier est séduisante car ses bionombres sont OK en quantité et en espacement. Mais il y a 672 façons de réaliser cet accord. Les travaux du Groupe Béna sur la balance du Nabatéen apportent des arguments pour le choix des puissances de trois. Reste à découvrir le processus d'attribution d'un bionombre à chaque acide. Le processus « singe codeur des 64 cubes » est fragile et conduit à une attribution qui contredit les hypothèses de départ.

L'hypothèse d'Alain est simple à expliquer et à modéliser. Cette façon de numéroter démontre qu'il y a naturellement 22 bionombres possibles entre 1 et 64. Mais elle n'explique pas les redondances du code génétique.

Quelque soit la façon de compter en bio-arithmétique, il me semble que nous n'arriverons pas à rendre compte de la coupure en deux de la Sérine et de l'Arginine dans la table Standard.

Une piste serait de faire l'hypothèse que cette coupure n'existait pas dans le code originel et qu'il synthétisait deux sérines différentes et deux arginines. Voir ANNEXE3 « l'Hypothèse des 24 acides ». Les régularités que présente la table des 24 acides, et le nombre élevés (6024) des quintuplés possibles comme bio nombres, devraient permettre de trouver une logique d'attribution des bio nombres aux acides. Une analyse combinatoire rigoureuse s'impose.

Voici quelques régularités remarquables :

- **U et C** sont confondus lorsqu'ils sont en troisième position
- La Base **centrale** est stable pour chaque acide.
- La Base **à gauche** est stable sauf pour le seul acide (la leucine) qui a 6 synonymes.
- La Base **à droite** est la moins déterminante sauf pour les 3 acides qui n'ont qu'un codon.
- Si **A est au milieu** alors la redondance est de 2
- Si **C est au milieu** alors la redondance est de 4

Le modèle de la balance à deux plateaux peut-il nous aider à mettre en évidence ces « balancements » ?

ANNEXE 1 : RAPPEL SUR LA STRUCTURE DU CODE GENETIQUE.

64 CODONS POUR SYNTHETISER 22 ACIDES AMINES

Le code génétique désigne le système de correspondance mis en jeu lors de la transformation de l'information génétique des gènes en protéines. Dans les cellules des êtres vivants, en suivant ce code, les ribosomes traduisent l'enchaînement des **bases nucléotidiques** de l'ARN en une séquence **d'acides aminés**.

Les « mots » du langage génétique, appelés **codons** sont des triplets choisis parmi 4 nucléotides désignés par les « lettres » suivantes : A, C, U ou G (cf. tableau ci-contre).

Code	Nom
A	Adénine
C	Cytosine
G	Guanine
U	Uracile

Alors que le langage génétique comporte 64 mots ou codons différents (Il existe en effet $4^3=64$ combinaisons possibles de ces quatre lettres en triplets ordonnés), les systèmes biologiques ne réussissent à leur associer que 22 acides aminés (ou plus exactement 20 acides aminés et 2 molécules dites Stop 1 et Stop 2 car elles signifient la fin de la traduction). Le code génétique est donc redondant car un acide aminé est codé par un ou plusieurs codons (1, 2, 3, 4 ou 6 « **codons redondants**»). Voici la table standard⁷ de correspondance entre codons et acides, telle qu'elle est classiquement présentée :

Table de codage des acides aminés (http://fr.wikipedia.org/wiki/Code_g%C3%A9n%C3%A9tique)

	U	C	A	G					
U	UUU	Phénylalanine	UCU	Sérine	UAU	Tyrosine	UGU	Cystéine	U
	UUC	F	UCC	S	UAC	Y	UGC	C	C
	UUA	Leucine	UCA	...	UAA	Stop2/Pyrrrolysine	UGA	Stop1/Séc. U	A
	UUG		L		UCG	O	UGG	Tryptophane W	G
C	CUU	Leucine	CCU	Proline	CAU	Histidine	CGU	Arginine	U
	CUC		CCC	P	CAC	H	CGC	R	C
	CUA		CCA	...	CAA	Glutamine	CGA	...	A
	CUG		CCG		CAG	G	CGG		G
A	AUU	Isoleucine	ACU	Thréonine	AAU	Asparagine	AGU	... Sérine	U
	AUC	I	ACC	T	AAC	N	AGC	..S	C
	AUA	Met MStart	ACA	...	AAA	Lysine	AGA	... Arginine	A
	AUG		ACG		AAG	K	AGG	..R	G
G	GUU	Valine	GCU	Alanine	GAU	Aspartate	GGU	Glycine	U
	GUC	V	GCC	A	GAC	D	GGC	E	C
	GUA	...	GCA	...	GAA	Glutamate	GGA	...	A
	GUG		GCG		GAG	Q	GGG		G

Tous les codons redondants se suivent sauf ceux de la Sérine et ceux de l'Arginine.

⁷ Les variantes sont indiquées dans : <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Utils/wprintgc.cgi?mode=c#SG4>

Liste des 22 acides aminés

Code1	Code3	Nom	Fonction	Nbr de codons	Codon 1	Codon 2	Codon 3	Codon 4	Codon 5	Codon 6
A	Ala	Alanine		4	GCU	GCC	GCA	GCG		
R	Arg	Arginine		6	CGU	CGC	CGA	CGG	AGA	AGG
N	Asn	Asparagine		2	AAU	AAC				
D	Asp	Aspartate		2	GAU	GAC				
C	Cys	Cystéine		2	UGU	UGC				
Q	Glu	Glutamate		2	GAA	GAG				
G	Gln	Glutamine		2	CAA	CAG				
E	Gly	Glycine		4	GGU	GGC	GGA	GGG		
H	His	Histidine		2	CAU	CAC				
I	Ile	Isoleucine		3	AUU	AUC	AUA			
L	Leu	Leucine		6	CUU	CUC	CUA	CUG	UUA	UUG
K	Lys	Lysine		2	AAA	AAG				
M	Met	Méthionine	Start	1	AUG					
F	Phe	Phénylalanine		2	UUU	UUC				
P	Pro	Proline		4	CCU	CCC	CCA	CCG		
O	Pyl	Pyrrolysine	Stop2	2	UAA	UAG				
U	Sec	Sélocystéine	Stop1	1	UGA					
S	Ser	Sérine		6	UCU	UCC	UCA	UCG	AGU	AGC
T	Thr	Thréonine		4	ACU	ACC	ACA	ACG		
W	Trp	Tryptophane		1	UGG					
Y	Tyr	Tyrosine		2	UAU	UAC				
V	Val	Valine		4	GUU	GUC	GUA	GUG		

Pour plus de détail sur chaque acide consulter Wikipedia suivi du nom de l'acide. Exemple : <http://fr.wikipedia.org/wiki/Alanine>

Ces tableaux montrent qu'il y a :

- 3 acides qui sont chacun codé par 1 seul codon
- 10 acides qui sont chacun codé indifféremment par 2 codons
- 1 acide codé indifféremment par 3 codons
- 5 acides qui sont chacun codé indifféremment par 4 codons
- Aucun acide n'est codé par 5 codons.
- 3 acides qui sont chacun codé indifféremment par 6 codons

Degré de redondance	Nbr. d'Acides concernés
1	3
2	10
3	1
4	5
5	0
6	3

22

ANNEXE 2 : RECHERCHE DE TOUS LES TRIPLETS QUE L'ON PEUT AJOUTER AUX 19 NOMBRES PREMIERS POUR OBTENIR UNE REPARTITION ANALOGUE A CELLE DU CODE GENETIQUE.

Comme il y a 19 nombres Premiers inférieurs à 64, on peut être tenté, en rajoutant 3 nombres, de faire correspondre chaque Acide à un Nombre; et de considérer que les entiers qui suivent chacun de ces 22 « Bio-nombres » sont redondants, « biologiquement » synonymes de ce bio-nombre. C'est ce qu'a fait Xavier Sallantin dès 1970 en rajoutant au 19 Premiers les trois nombres **0, 9 et 27**.

En ajoutant d'abord le Zéro aux nombres Premiers, la distribution des entiers parmi ces 20 « bio-nombres » n'est pas très éloignée de celle des 22 acides parmi les 64 codons.

0,1,2,3,*5,*7,*11,*13,*17,*19,*23,*29,*31,*37,*41,*43,*47,*53,*59,*61,*

(Les entiers figurés par des * étoiles sont considérés comme synonymes du nombre premier précédent)

Degré de redondance	Nbr. d'Acides concernés	Nbr. de Nombres concernés
1	3	3
2	10	7
3	1	1
4	5	5
5	0	0
6	3	4
	22	20

La première ligne de ce tableau signifie que, de même qu'il y a 3 « acides » avec un seul synonyme, il y a 3 « nombres premiers » qui sont immédiatement suivis d'un autre nombre premiers (0,1 et 2).

La deuxième ligne de ce tableau signifie qu'il y a 10 acides avec deux codons synonymes, alors qu'il n'y a que 7 nombres premiers avec deux synonymes.. La différence entre « Acides » et « Nombres » est de 3

En ajoutant le 9 et le 27 aux nombres premiers, la distribution des entiers parmi ces 22 «bio-nombres » est alors la même que la celle des 22 acides parmi les 64 codons.

0,1,2,3,*5,*7,*9,*11,*13,*17,*19,*23,*27,*29,*31,*37,*41,*43,*47,*53,*59,*61,*

Degré de redondance	Nbr. d'Acides concernés	Nbr. de Nombres concernés
1	3	3
2	10	10
3	1	1
4	5	5
5	0	0
6	3	3
	22	22

Xavier Sallantin justifie l'introduction de 9 et 27 comme étant les puissances du nombre 3.

$$9 = 3^2 \quad \text{et} \quad 27 = 3^3$$

Le nombre **Trois** étant comme le **Zéro**, le **Un** et le **Deux**, un « méta-nombre » nécessaire à la genèse de l'arithmétique.

IL Y A 672 FAÇONS DE CHOISIR 3 NOMBRES, A AJOUTER AUX 19 NOMBRES PREMIERS, POUR OBTENIR 22 SUITES ISOMORPHES AUX 22 ACIDES.

Il y a en effet de nombreuses façons d'ajouter à la liste des 19 Premiers un autre triplet de Nombres que le triplet [0,9,27]. Parmi les 14 190 possibilités de choisir trois nombres parmi 45 (64-19), il y en a **672 qui peuvent prétendre au statut de «bio nombre»**.

Voici comment procéder pour les trouver :

Redondance	Nbr de Premiers concernés	Cible
1	2	3
2	7	10
3	0	1
4	6	5
5	0	0
6	4	3
	19	22

Il faut d'abord «couper» la suite d'un des quatre nombres ayant une redondance de 6 : soit **quatre possibilités**.

On ne peut pas la couper en quatre, car cela générerait deux segments de longueur 1, alors que le besoin est d'un seul.

Examinons le coupage en deux. Il ne peut pas avoir lieu au milieu de la suite de longueur 6 car il générerait deux longueurs de 3 alors que nous en avons besoin que d'une (une redondance de 3). On ne peut scinder le segment de 6 en 1+5 car on ne veut pas de redondance de 5. Si je décide de le scinder en 2+4, je génère un 7^{ème} segment de redondance 4, il faudra donc que j'en coupe deux parmi les 6 présents en 1+3 ou 3+1 et 2+2.

Examinons les coupures d'un segment de longueur 6 en trois morceaux, soit 2+2+2 (une seule façon de faire), soit en 1+2+3 (6 façons de faire : 1+2+3, 2+3+1, 3+1+2, 3+2+1, 1+3+2 et 2+1+3)

Le découpage 1+2+3 permet d'atteindre les cibles des redondances 1 et 3. Il suffit ensuite de couper un des 6 segments de longueur 4 en deux segments de longueur 2 pour atteindre la cible de redondance 2. Soit **6 possibilités**.

Le découpage 2+2+2 est à associer à la coupure d'un des 6 segments de longueur 4 en 1+3 ou en 3+1.

Voici le tableau des découpages. Le total des **possibilités est de 672** (4x168)

segment de 6	1 ^{er} segment de 4 x6	2 ^{ème} segment de 4 x5	Nb de possibilités = 168
2+4 x2	1+3 x2	2+2	2x2x6x5 = 120
1+2+3 x6	2+2		6 x6= 36
2+2+2	1+3 x2		2x6 = 12

Le triplet [0,9,27] est donc un des 672 triplets possibles pour que les nombres qu'ils contiennent, ajoutés aux nombres premiers, découpent la suite des 64 entiers en 22 segments isomorphes aux 22 acides aminés.

J'ai vérifié ce résultat avec un tableur Excel que je donne en Annexe.

En admettant que nous choissions le triplet [0,9,27], il reste à attribuer à chaque Acide un Bio-nombre. Il y a plus de **15 milliards de combinaisons possibles** :

$$3! \times 10! \times 1! \times 5! \times 3! = 15\,676\,416\,000$$

ANNEXE 3 : L'HYPOTHESE DES 24 ACIDES.

Tous les codons redondants se suivent sauf ceux de la Sérine et ceux de l'Arginine. Cette constatation me conduit à faire l'hypothèse qu'à l'origine il y avait deux types de Sérine et d'Arginine, - que je note Ser4 et Ser2, Arg4 et Arg2 -; et donc en tout 24 « acides » distincts dont les « adresses » (codons) se suivent.

Le système de numérotation est alors plus facile à trouver.

	U	C	A	G					
U	UUU	Phénylalanine	UCU	Sérine4	UAU	Tyrosine	UGU	Cystéine	U
	UUC	F	UCC	S	UAC	Y	UGC	C	C
	UUA	Leucine	UCA	...	UAA	Stop2/Pyrolysine	UGA	Stop1/Séc. U	A
	UUG		L		UCG	O	UGG	Tryptophane W	G
C	CUU	Isoleucine	CCU	Proline	CAU	Histidine	CGU	Arginine4	U
	CUC		CCC	P	CAC	H	CGC	R	C
	CUA		CCA	Glutamine	CGA	...	A		
	CUG		CCG	G	CGG	G			
A	AUU	Isoleucine	ACU	Thréonine	AAU	Asparagine	AGU	Sérine2	U
	AUC		ACC	T	AAC	N	AGC	X	C
	AUA		ACA	Lysine	AGA	Arginine2	A		
	AUG	Met MStart	ACG	K	AAG	Z	G		
G	GUU	Valine	GCU	Alanine	GAU	Aspartate	GGU	Glycine	U
	GUC	V	GCC	A	GAC	D	GGC	E	C
	GUA	...	GCA	Glutamate	GAA	...	GGA	...	A
	GUG		GCG	Q	GAG	...	GGG	...	G

Ces tableaux montrent qu'il y a :

- 3 acides qui sont chacun codé par 1 seul codon
- 12 acides qui sont chacun codé indifféremment par 2 codons
- 1 acide codé indifféremment par 3 codons
- 7 acides qui sont chacun codé indifféremment par 4 codons
- Aucun acide n'est codé par 5 codons.
- 1 acide codé indifféremment par 6 codons

Degré de redondance	Nbr. d'Acides concernés
1	3
2	12
3	1
4	7
5	0
6	1
	24

Parmi les 1 221 759 possibilités de choisir cinq nombres parmi 45 (64-19), il y en a **6020 qui peuvent prétendre au statut de «bio nombre»**.

Voici comment procéder pour les trouver :

Redondance	Nbr de Premiers concernés	Cible
1	2	3
2	7	12
3	0	1
4	6	7
5	0	0
6	4	1
	19	24

Il faut d'abord «couper» trois des quatre nombres ayant une redondance de 6 : soit **quatre triplets possibles**.

On ne peut pas couper la suite de six en quatre segments (1+1+2+2) car cela génèrerait deux segments de longueur 1, alors que le besoin est d'un seul.

On peut couper la suite choisie en trois segments en utilisant deux bio-nombres, soit 1+2+3 soit en 2+2+2 :

Le découpage de type 1+2+3 ne peut être utilisé qu'une fois car on a besoin que d'un 1. De même pour le découpage 2+2+2, car on aurait un 2 en trop que l'on ne peut couper en 1+1.

On peut aussi couper la suite de 6 en deux segments, mais d'une seule façon :

3 + 3 est impossible car nous avons besoin que d'une redondance de 3.

1 + 5 ne convient pas car on ne veut pas de redondance de 5

2 + 4 convient, cela génère le 7^{ème} segment de redondance 4 dont on a besoin. Ce type de découpage peut être utilisé plusieurs fois, cela génère un ou deux 4 en trop. Il suffit ensuite de couper un ou deux autres 4 (parmi 6) en 2+2 et/ou 1+3

Voici le tableau des découpages. Le total des **possibilités est de 6024** (4x1506)

1 ^{er} segment de 6	2 ^{ème} segment de 6	3 ^{ème} segment de 6	1 ^{er} segment de 4 x6	2 ^{ème} segment de 4 x5	Nb de possibilités = 1506
2+2+2	1+2+3 x6	2+4 x2			(6x2)+2(6+2x6x2)= 72
	2+4 x2	1+2+3 x6			
		2+4 x2	1+3 x2		
1+2+3 x6	2+2+2	2+2			6 (1+2+2x6) = 90
	2+4 x2	2+2+2			
		2+4 x2	2+2		
2+4 x2	2+2+2	1+2+3 x6			2[6+2x6+6(1+2x6)+2(2x6+6x6+2(2x6x5+6x5x2))]= 1344
		2+4 x2	1+3 x2		
	1+2+3 x6	2+2+2			
		2+4 x2	2+2		
	2+4 x2	2+2+2	1+3 x2		
		1+2+3 x6	2+2		
		2+4 x2	1+3 x2	2+2	
			2+2	1+3 x2	