

ETUDE REELLE - BASES MANQUANTES

Homo Sapiens - Bras long du chromosome 14 - Séquence AL132989

SEQUENCE DE 1 à 14500 Bases

Lorsqu'une base se manifeste, les 3 autres doivent attendre. Nous l'avons déjà vu, les événements qui se produisent sont totalement interdépendants avec ceux qui ne se produisent pas.

Rappel des bases présentes

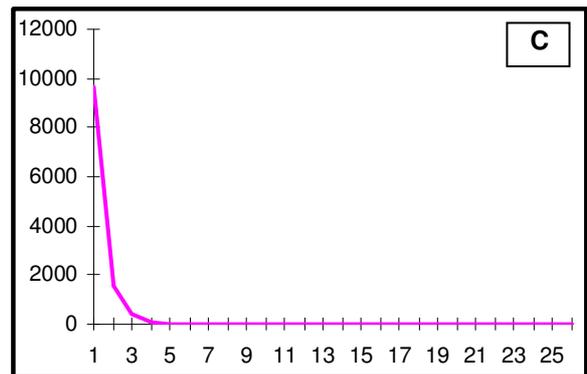
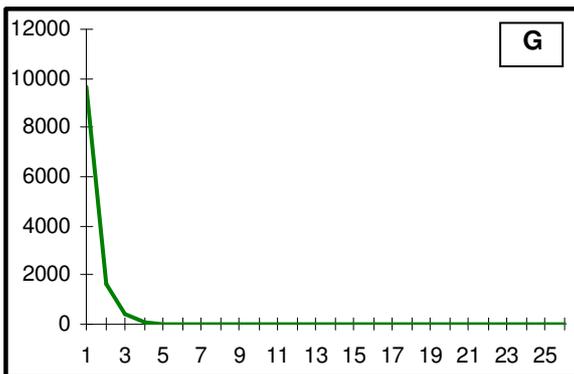
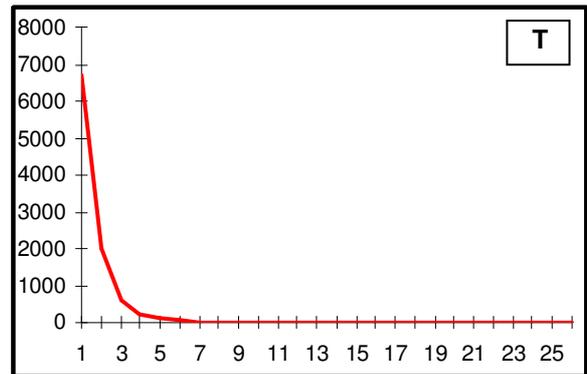
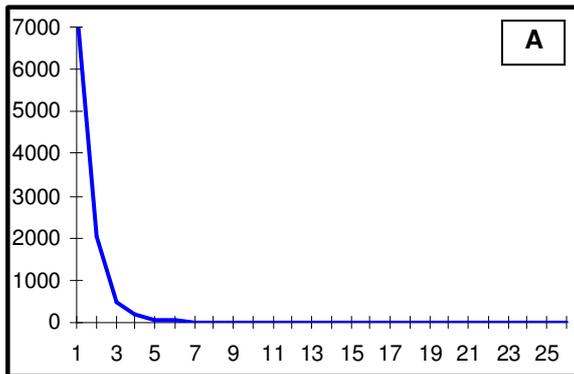
Chromosome 14		AL 132989													
n	1											Total A & T		Total G & C	
N	4											1746		-1734	
T	14500														
Coef	0,75														
a	Calcul E(a) Courbe Bleue	E(a) Réel Courbe Rouge	Erreur et Total Erreur	Marge d'erreur Réelle pour T	Calcul E(a) par Base	Total des Ecart				Dif E % Calcul A	Dif E % Calcul T	Dif E % Calcul G	Dif E % Calcul C		
						EA	ET	EG	EC						
1	3625	4447	822	Pas	906	1342	1811	630	664	436	905	-276	-242		
2	2718	2825	107	de	680	834	1025	483	483	155	346	-197	-197		
3	2039	1752	-287	valeurs	510	544	585	328	295	34	75	-182	-215		
4	1529	1300	-229	pour	382	416	413	237	234	34	31	-145	-148		
5	1146	958	-188	comparer	287	281	304	186	187	-6	18	-101	-100		
6	860	734	-126		215	200	201	169	164	-15	-14	-46	-51		
7	645	542	-103		161	163	116	128	135	2	-45	-33	-26		
8	483	423	-60		121	105	109	100	109	-16	-12	-21	-12		
9	362	326	-36		91	82	70	85	89	-9	-21	-6	-2		
10	272	238	-34		68	61	50	65	62	-7	-18	-3	-6		
11	204	164	-40		51	34	30	51	49	-17	-21	-2	-2		
12	153	126	-27		38	36	19	39	32	-2	-19	1	-6		
13	114	116	2		29	24	22	37	33	-5	-7	9	5		
14	86	91	5		22	13	14	30	34	-9	-8	9	13		
15	64	58	-6		16	8	8	18	24	-8	-8	2	8		
16	48	58	10		12	10	4	19	25	-2	-8	7	13		
17	36	51	15		9	3	5	18	25	-6	-4	9	16		
18	27	43	16		7	5	6	12	20	-2	-1	5	13		
19	20	40	20		5	5	3	16	16		-2	11	11		
20	15	28	13		4	3	3	11	11	-1	-1	7	7		
21	11	25	14		3	3	1	9	12	0	-2	6	9		
22	8	14	6		2	3	1	5	5	1	-1	3	3		
23	6	19	13		2	2	1	6	10	1	-1	5	9		
24	4	15	11		1	2		9	4	1	-1	8	3		
25	3	16	13		1			8	8	-1	-1	7	7		
26	2	9	7		1			1	3	-1	1	5	3		
27	2	9	7		1	1		3	4	1	1	3	4		
28	1	10	9		0			6	4	0	0	6	4		
29	1	7	6		0			5	2	0	0	5	2		
30		6	6			1		3	2	1		3	2		
31		5	5					3	2			3	2		
32		4	4			2		1	1	2		1	1		
33		8	8			1		5	2	1		5	2		
34		2	2				1		1		1		1		
35		5	5					3	2			3	2		
36		2	2					1	1			1	1		
37															
38		5	5					3	2			3	2		
39		3	3					2	1			2	1		
40		2	2					1	1			1	1		
41		1	1						1			1	1		
42															
43		2	2					1	1			1	1		
44		1	1					1				1			
45		1	1					1				1			
46		2	2					1	1			1	1		
47		2	2						2				2		
48															
49															
50															
51															
52															
53															
54		1	1					1				1			
55															
56															
57															
58															
59															
60															

RESULTAT GLOBAL DES BASES MANQUANTES

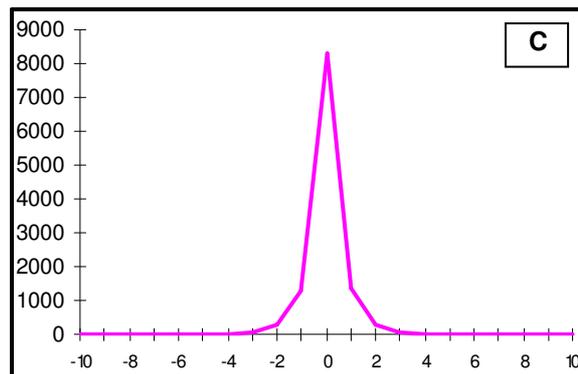
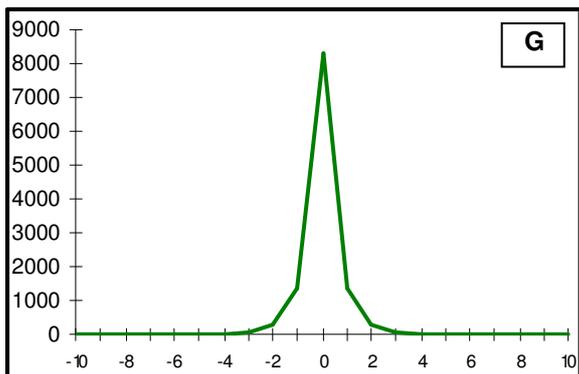
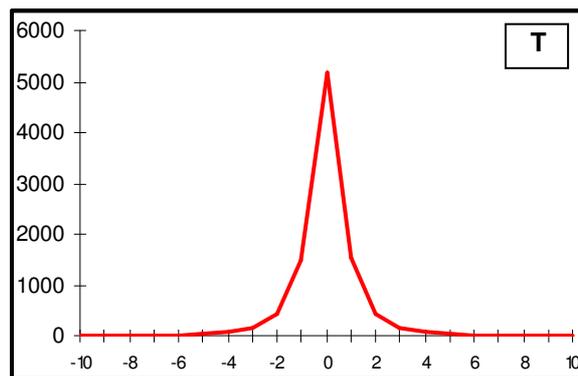
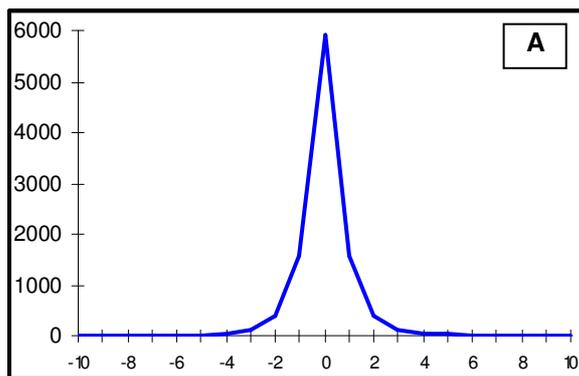
Exemple : Pour 1 base A présente à l'instant T, nous avons au même instant T les bases manquantes T, G et C
Après analyse des 3 bases manquantes à chaque instant, nous arrivons au tableau suivant

Chromosome 14		AL 132989										Total A & T		Total G & C	
n	3											-1740		1741	
N	4														
T	14500	0,01%		Total des Ecart											
Coef	0,25	2													
	Calcul E(a) Courbe Bleue	E(a) Réel Courbe Rouge	Erreur et Total Erreur	Marge d'erreur Réelle pour T	Calcul E(a) par Base	EA	ET	EG	EC	Dif E % Calcul A	Dif E % Calcul T	Dif E % Calcul G	Dif E % Calcul C		
1	32625	33445	820	Pas	8156	7472	6701	9637	9635	-684	-1455	1481	1479		
2	8156	7214	-942	de	2039	2052	1988	1611	1563	13	-51	-428	-476		
3	2039	1920	-119	valeurs	510	493	595	404	427	-17	85	-106	-83		
4	509	580	71	pour	127	176	225	83	96	49	98	-44	-31		
5	127	186	59	comparer	32	67	95	13	11	35	63	-19	-21		
6	31	98	67		8	35	56	4	3	27	48	-4	-5		
7	7	21	14		2	4	16	1		2	14	-1	-2		
8	1	6	5		0	3	3			3	3	0	0		
9		9	9			4	5			4	5				
10		4	4			2	2			2	2				
11		1	1			1				1					
12		3	3			1	2			1	2				
13		2	2				2				2				
14		2	2			1	1			1	1				
15		1	1			1				1					
16		1	1			1				1					
17		1	1			1				1					
18		1	1				1				1				
19		1	1				1				1				
20															
21															
22		1	1				1				1				
23															

GRAPHIQUES DES ECARTS PAR BASE

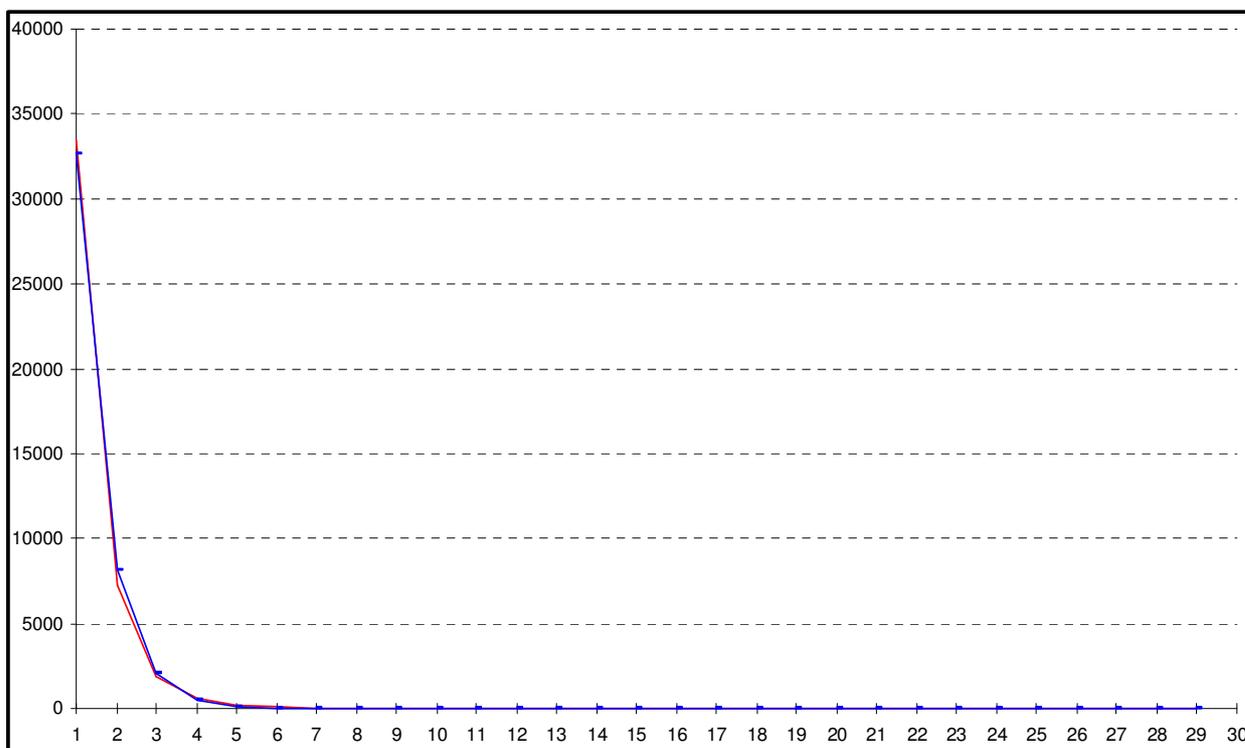


GRAPHIQUES DES DIFECARTS PAR BASE



COMPARAISON AVEC LA LOI E THEORIQUE

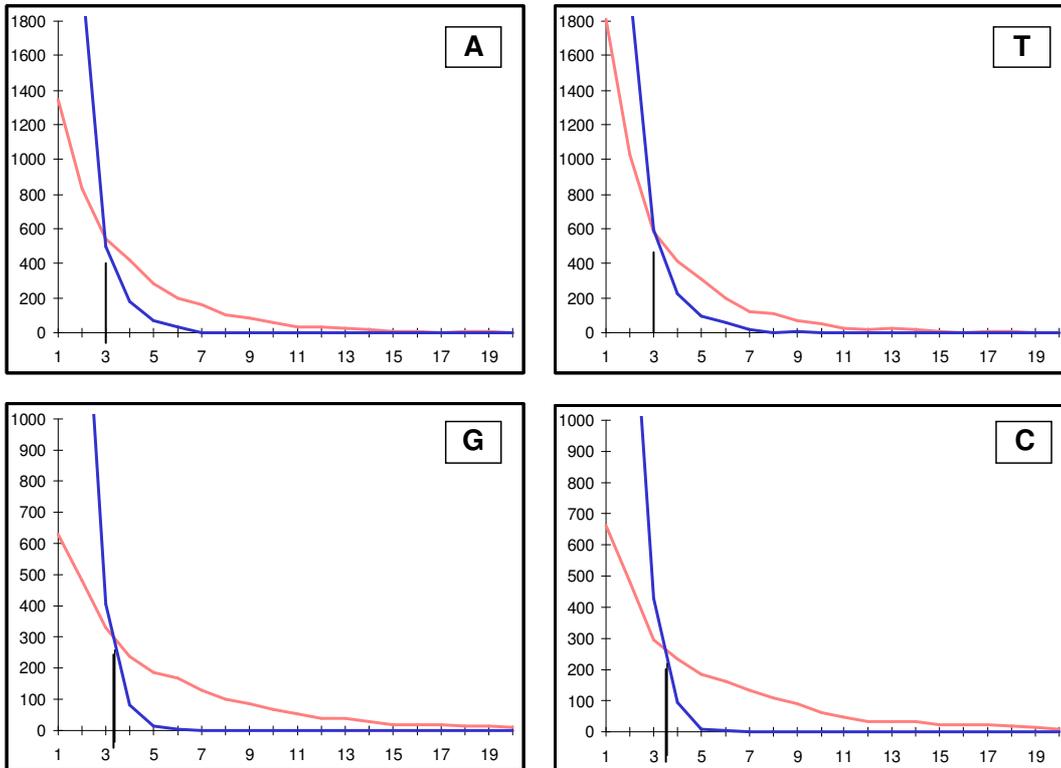
Les 2 courbes des ECARTS sont quasiment confondues



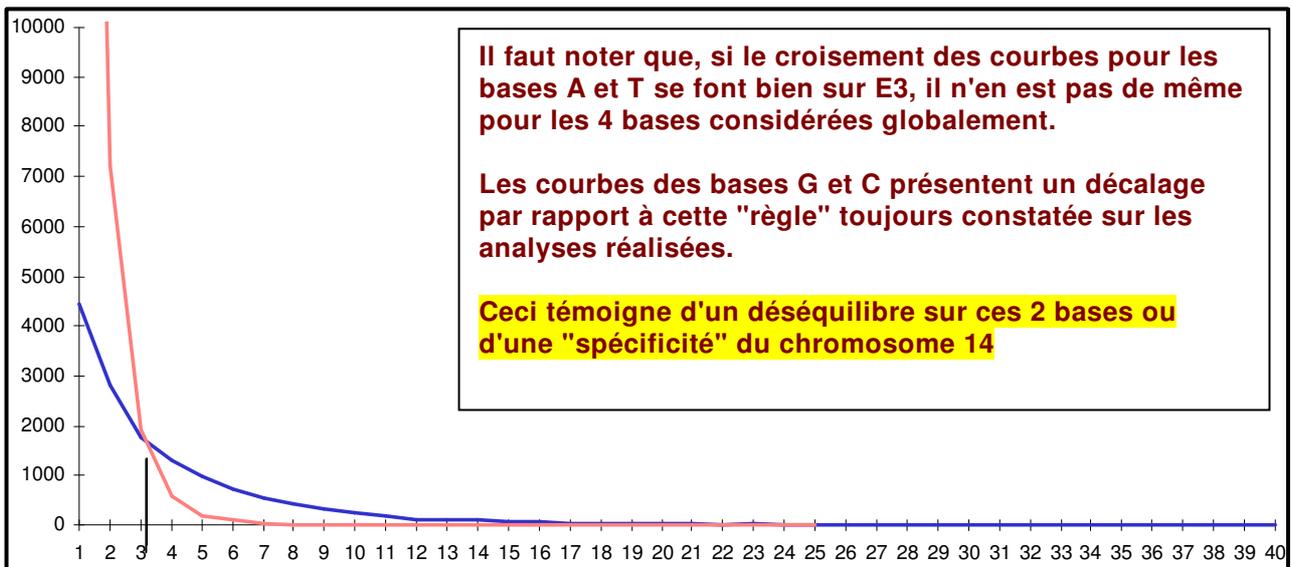
TOUTES LES BASES - PRESENTES et MANQUANTES

COURBES COMPLEMENTAIRES DES ECARTS PAR BASE

BASE PRESENTE (orangé) / BASES MANQUANTES (bleu)



COURBES COMPARATIVES DES ECARTS - TOUTES LES BASES



RAPPELS TRES IMPORTANTS

Revoir les chapitres Naissance, et Vie et Mort du Loto

L'Ecart Critique des valeurs manifestées donne le nombre maximum d'écarts E1 "à la suite" des bases absentes

L'Ecart Critique des valeurs manquantes donne le nombre maximum d'écart E1 de la base présente, soit une REPETITION MAXIMUM de E1 + 1 fois à la suite.

Cet Ecart Critique sera d'autant plus important que le nombre de bases contenues dans la séquence analysée, pour le décompte des écarts, sera grand

que cette séquence sera éloignée du POINT DE DEPART "ABSOLU" de la branche du chromosome.

que la cellule sera AGEE !

Nouveau rappel

Une cellule étant un ensemble Evénementiel fermé, les bases sont réparties de façon **TOTALEMENT INTERDEPENDANTES**, soit dans le chromosome : **INTERDEPENDANCE INTRA-CHROMOSOMIQUE** soit avec d'autres chromosomes : **INTERDEPENDANCE INTER-CHROMOSOMIQUE**

Le TEMPS EVENEMENTIEL DE CHAQUE BASE, PRESENTE OU MANQUANTE, LEUR QUANTITE (surnombre ou manque par rapport à la théorie des écarts), LEURS ECARTS (répartition selon la Loi E) et LEUR ECART CRITIQUE, **FONT QUE CHACUNE D'ELLE REMPLIT UNE FONCTION PARFAITEMENT PRECISE AU SEIN DE L'ENSEMBLE DU CODE GENETIQUE**

ETUDE COMPARATIVE SOMMAIRE DU RAPIDO

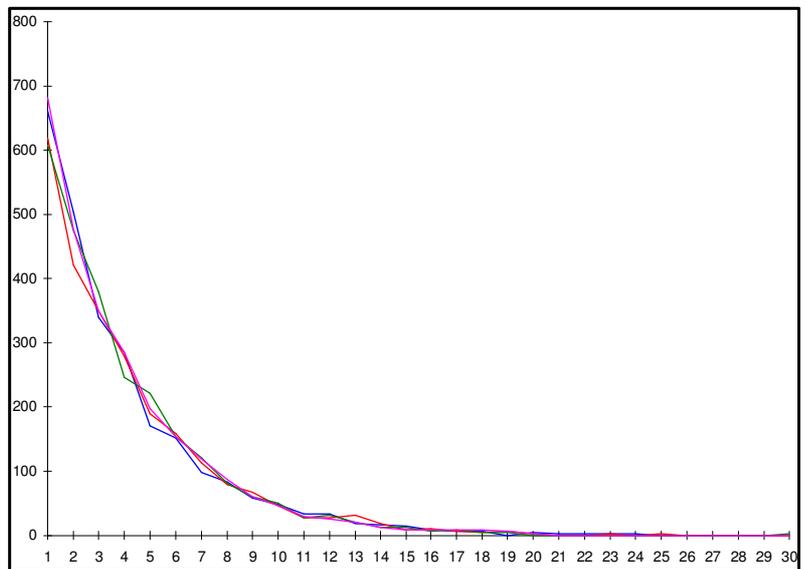
Le jeu de RAPIDO, de la Française des Jeux, se joue dans les bars. Un tirage a lieu toutes les 5 minutes.

Chaque tirage est décomposé en 2 parties :
 Le Tirage principal : 8 numéros sur 20 (1 à 20)
 Le numéro complémentaire : 1 sur 4 (1 à 4)

Afin de comparer avec l'ADN (1 base sur 4), seul le complémentaire sera étudié pour l'instant.

DECOMPTE DES ECARTS POUR 10150 JEUX REELS

		26%	25%	24%	26%
10146	NbS	2558	2472	2529	2591
Total	Ecart	Num 1	Num 2	Num 3	Num 4
2568	1	661	618	608	681
1876	2	504	420	474	478
1417	3	339	350	379	349
1095	4	286	278	246	285
778	5	171	190	220	197
621	6	153	159	155	154
449	7	98	112	120	119
333	8	84	80	82	87
247	9	59	67	60	61
187	10	47	46	49	45
117	11	34	27	27	29
119	12	33	28	32	26
91	13	19	31	20	21
61	14	17	19	12	13
43	15	15	8	12	8
34	16	8	10	7	9
30	17	7	7	8	8
25	18	6	5	5	9
18	19	1	6	5	6
11	20	5	3	1	2
3	21	2	0	1	0
4	22	2	0	1	1
8	23	3	3	1	1
4	24	3	0	0	1
3	25	0	3	0	0
1	26	0	1	0	0
0	27	0	0	0	0
0	28	0	0	0	0
0	29	0	0	0	0
3	>=30	0	0	3	0



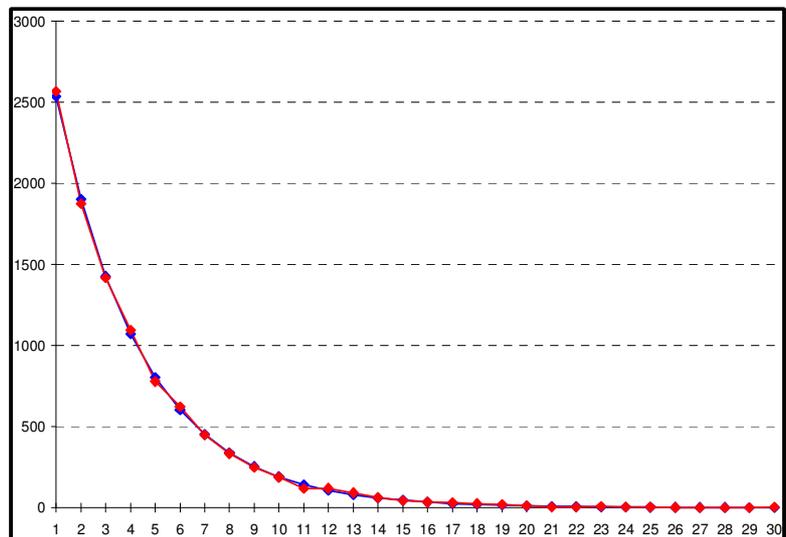
On peut voir très nettement que les valeurs sont très proches les unes des autres, contrairement à l'ADN.
 Le rapport $n / N = 1 / 4$ est pourtant bien le même.
 Les 4 courbes sont quasiment confondues, et le pourcentage de réussite de chaque numéro est parfaitement équilibré.

Les grandes différences entre les bases de la séquence d'ADN analysée juste avant sont donc certainement une caractéristique essentielle du bras long du chromosome 14.

La séquence ayant été probablement réalisée à partir d'un sujet sain, la disparité entre les bases sont donc plutôt dues : soit à une spécificité de l'espèce, soit à une fonction particulière (différentiation)

COURBES DES ECARTS - RAPIDO ET THEORIE (Loi E)

Rapido		Complémentaire	
n	1		
N	4		Précision
T	10150		0,108%
Coef	0,75		11
a	Calcul E(a) Courbe bleue	E(a) Réel Courbe Rouge	Erreur et Total Erreur
1	2537	2568	31
2	1903	1876	-27
3	1427	1417	-10
4	1070	1095	25
5	802	778	-24
6	602	621	19
7	451	449	-2
8	338	333	-5
9	254	247	-7
10	190	187	-3
11	142	117	-25
12	107	119	12
13	80	91	11
14	60	61	1
15	45	43	-2
16	33	34	1
17	25	30	5
18	19	25	6
19	14	18	4
20	10	11	1
21	8	3	-5
22	6	4	-2
23	4	8	4
24	3	4	1
25	2	3	1
26	1	1	
27	1		-1
28	1		-1
29			
30		3	3



L'erreur est vraiment minime : 0,108 % - Les 2 courbes sont parfaitement confondues, ce qui n'est pas du tout le cas avec les courbes de l'ADN.

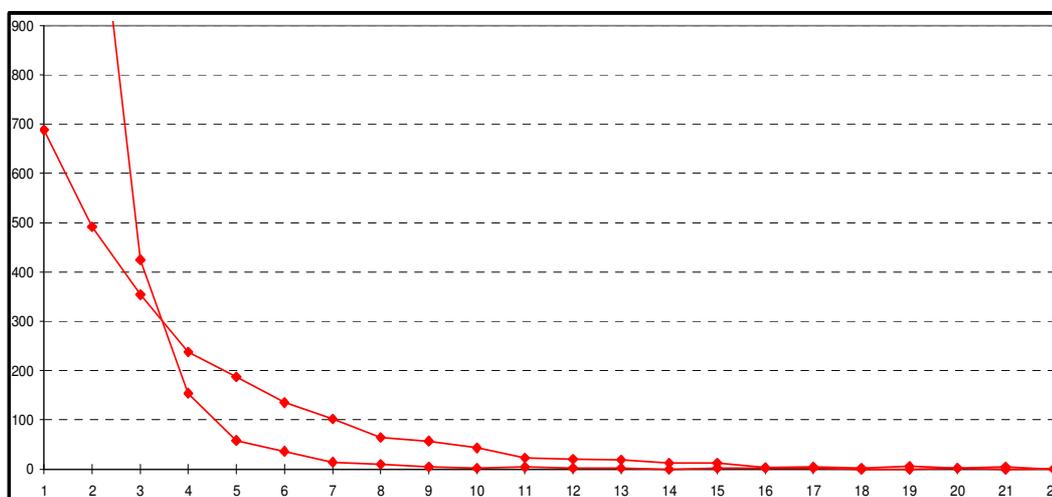
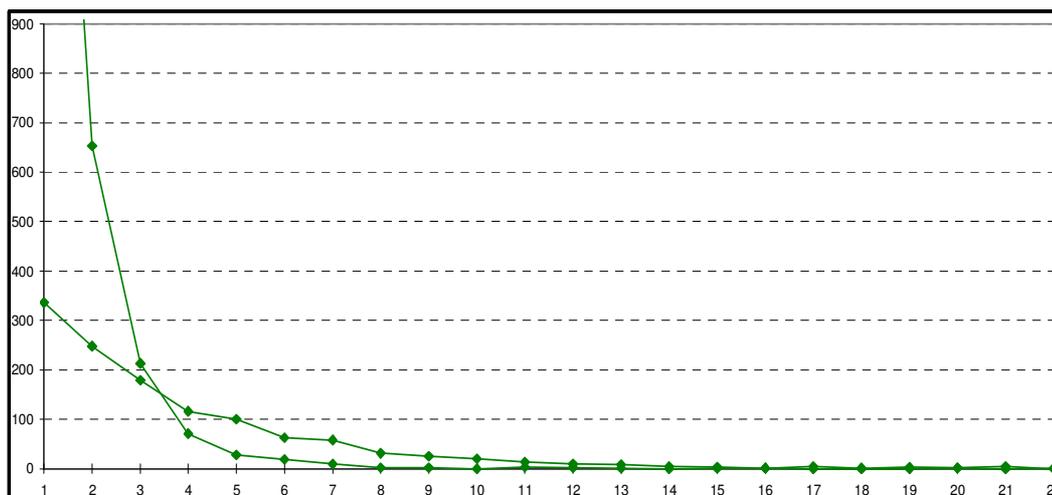
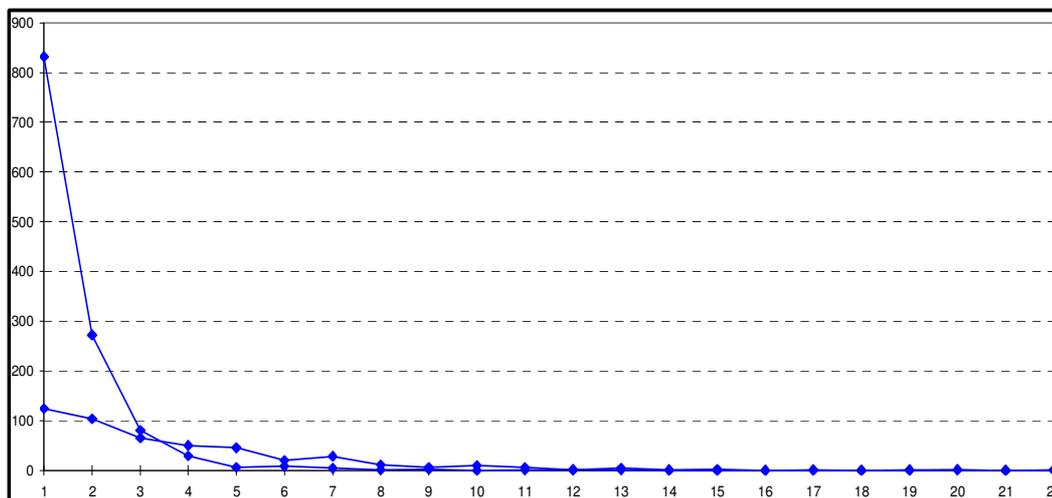
La partie du bras long du Chromosome 14 étudiée lui est donc tout à fait spécifique

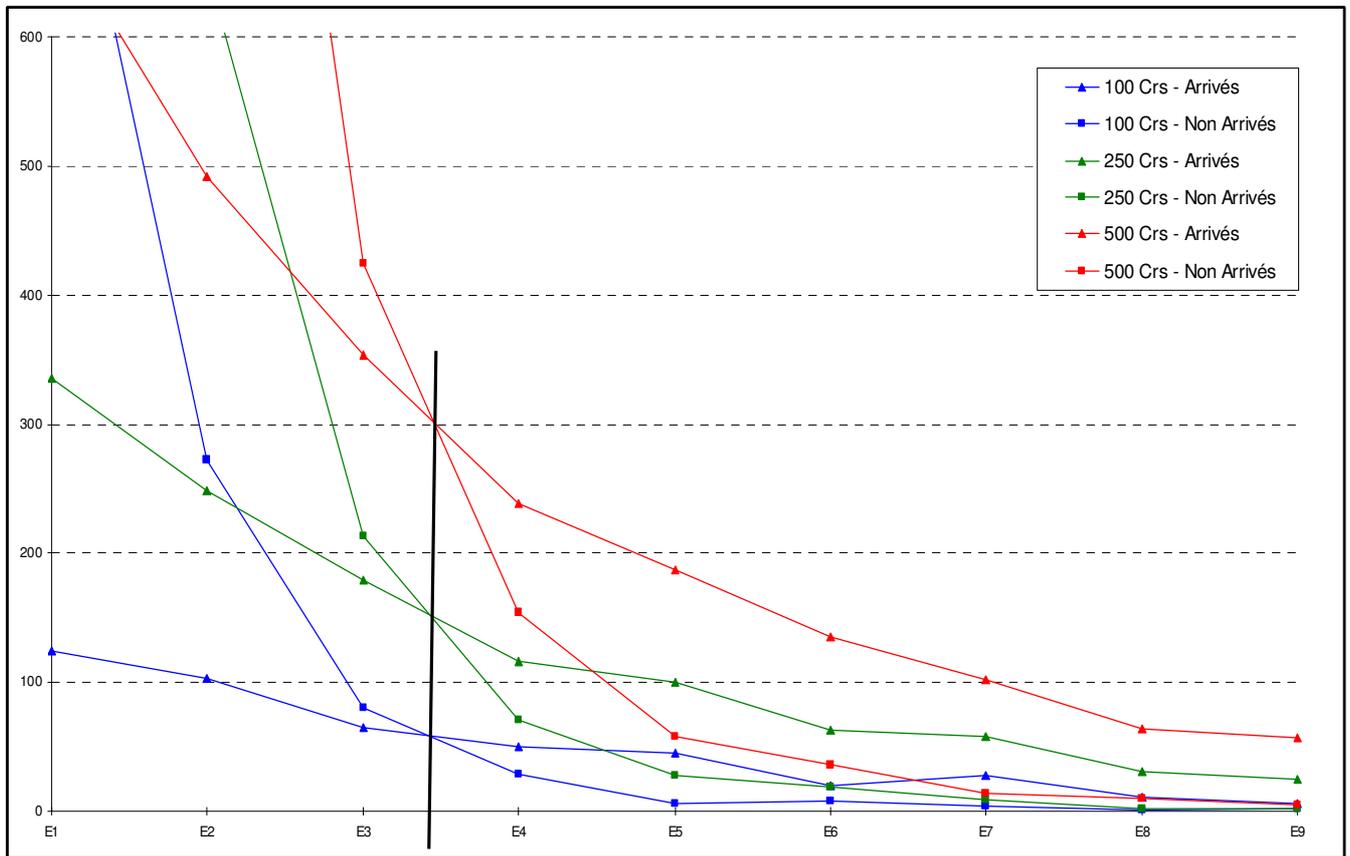
ETUDE COMPARATIVE DE L'ADN avec les COURSES

Etude Evènementielle de 100, 250 et 500 Quintés + Réels (PMU français)

A Arrivés NA Non Arrivés

Graphiques	T	E1	E2	E3	E4	E5	E6	E7	E8	E9	E10	E11	E12	E13	E14	E15	E16	E17	E18	E19	E20
Agrandis	100	A 124	103	65	50	45	20	28	11	6	9	6	1	4	1	2		1		1	1
	100	NA 832	272	80	29	6	8	4	1	2		1	1	1							
	250	A 336	248	179	116	100	63	58	31	25	20	13	9	8	4	3	1	4	1	3	2
	250	NA 2146	653	213	71	28	19	9	2	2		3	2	1		1	1				1
	500	A 688	492	354	238	187	135	102	64	57	43	23	20	19	12	12	3	4	2	6	2
	500	NA 4323	1275	425	154	58	36	14	10	5	2	4	2	2		2	2	2			2





On peut voir de manière évidente que les courbes des Ecart obtenues, avec les numéros des 5 premiers chevaux arrivés de chaque course, et avec les numéros des autres chevaux, ceux qui ne comptent pas pour le quinté, ...

ne se coupent pas sur la ligne verticale des E3, tout comme l'ADN.

**Pour les courses,
cela peut s'expliquer par le nombre de partants, variable d'une course à l'autre.**

Il est évident que le numéro 19, par exemple, sorti dans les 5 premiers d'une course, ne peut pas être à l'écart E1, si, dans la course suivante, il n'y a que 17 partants. Le calcul des écarts est donc faussé par le nombre variable de chevaux prenant part à une série d'épreuves.

Pour l'ADN, le croisement des courbes étant, lui aussi, décalé, une étude complète des séquences par la méthode des Ecart permettrait sans doute d'approfondir notre connaissance en matière de génétique.

Afin de corriger le problème posé par le nombre variable de chevaux, il faudrait faire le calcul des Ecart en séparant les courses les unes des autres, en fonction du nombre d'engagés.

A cette étape de l'étude des Ecart, rien ne permet de dire que "la somme des écarts" ainsi obtenus dans chaque cas, rétablirait la situation.

A suivre, ... donc !

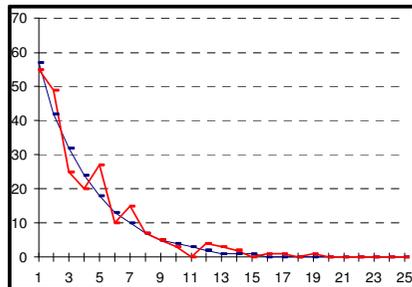
Etude : 1 valeur prise "au hasard" sur 4 possibles

Théorique	
Pour	228
indice a	Calcul LOI E
1	57
2	42
3	32
4	24
5	18
6	13
7	10
8	7
9	5
10	4
11	3
12	2
13	1
14	1
15	1
16	0
17	0
18	0
19	0
20	0
21	0
22	0
23	0
24	0
25	0

XX	y
Ecart Critique	

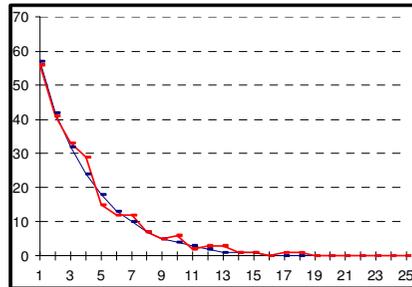
Jeu de la Française des Jeux, dans les bars

Rapido réel N° Complémentaire - 1 sur 4					
Pour	228	55	51	70	52
indice a	Total	N°1	N°2	N°3	N°4
1	55	13	12	19	11
2	49	10	8	18	13
3	25	5	4	8	8
4	20	6	4	6	4
5	27	8	7	9	3
6	10	2	6	2	0
7	15	4	3	3	5
8	7	2	3	1	1
9	5	1	0	2	2
10	3	0	0	2	1
11	0	0	0	0	0
12	4	3	0	0	1
13	3	1	2	0	0
14	2	0	1	0	1
15	0	0	0	0	0
16	1	0	1	0	0
17	1	0	0	0	1
18	0	0	0	0	0
19	1	0	0	0	1
20	0	0	0	0	0
21	0	0	0	0	0
22	0	0	0	0	0
23	0	0	0	0	0
24	0	0	0	0	0
25	0	0	0	0	0



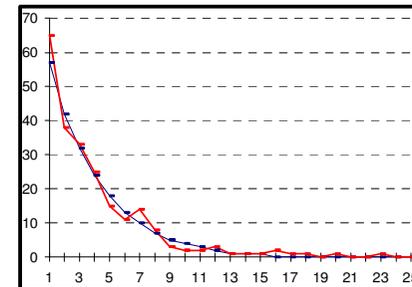
Courbe bleue = Calcul par Loi E ; Courbes rouges = analyses effectuées

Simulation informatique - 1 sur 4					
Pour	228	56	58	57	57
indice a	Total	N°1	N°2	N°3	N°4
1	56	16	16	12	12
2	41	11	9	8	13
3	33	7	5	10	11
4	29	6	8	10	5
5	15	3	5	5	2
6	12	2	5	4	1
7	12	3	5	1	3
8	7	3	1	1	2
9	5	1	0	2	2
10	6	0	1	2	3
11	2	0	0	0	2
12	3	0	1	1	1
13	3	2	1	0	0
14	1	0	1	0	0
15	1	0	0	1	0
16	0	0	0	0	0
17	1	1	0	0	0
18	1	1	0	0	0
19	0	0	0	0	0
20	0	0	0	0	0
21	0	0	0	0	0
22	0	0	0	0	0
23	0	0	0	0	0
24	0	0	0	0	0
25	0	0	0	0	0



Courte séquence trouvée dans un journal

ADN Sequence - 3 sur 4					
Pour	228	59	57	53	59
indice a	Total	A	T	G	C
1	65	19	14	13	19
2	38	8	10	12	8
3	33	9	6	8	10
4	25	5	9	4	7
5	15	2	7	3	3
6	11	6	2	2	1
7	14	3	4	6	1
8	8	2	1	1	4
9	3	0	1	0	2
10	2	2	0	0	0
11	2	0	1	0	1
12	3	2	0	0	1
13	1	0	1	0	0
14	1	0	0	0	1
15	1	0	0	1	0
16	2	0	1	1	0
17	1	0	0	0	1
18	1	1	0	0	0
19	0	0	0	0	0
20	1	0	0	1	0
21	0	0	0	0	0
22	0	0	0	0	0
23	1	0	0	1	0
24	0	0	0	0	0
25	0	0	0	0	0



Pour a = 1, la valeur 65 est anormale. Il peut s'agir : soit d'une anomalie dans le gène, soit d'une caractéristique essentielle du sujet étudié.

"MODELISATION" DE SERIES EVENEMENTIELLES PAR LA LOI E

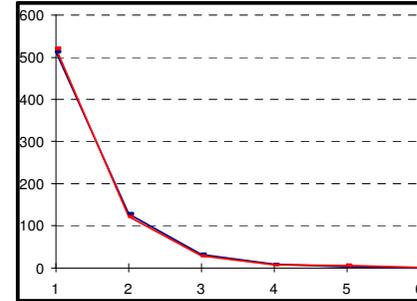
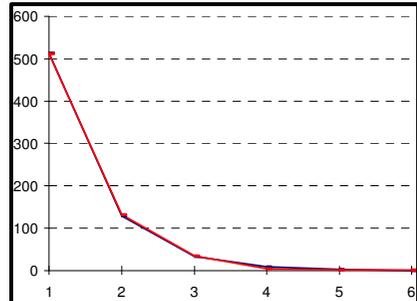
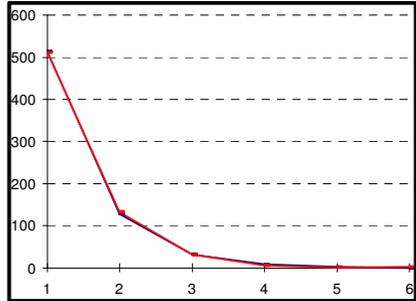
Exemple comparatif entre une brève séquence d'ADN (228 bases) relevée dans un journal et d'autres cas de rapports n / N = 1 / 4.

Théorique	
Pour	684
indice a	Calcul LOI E
1	513
2	128
3	32
4	8
5	2
6	0
7	0
8	0
9	0
10	0

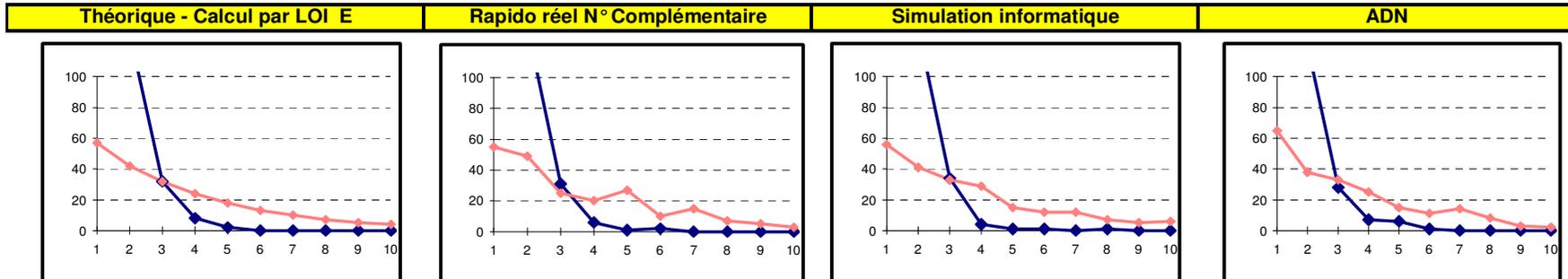
Rapido réel N° Complémentaire - 3 sur 4					
Pour	684	173	177	158	176
indice a	Total	N° 1	N° 2	N° 3	N° 4
1	511	131	139	106	135
2	133	33	29	39	32
3	31	7	6	10	8
4	6	1	3	2	0
5	1	0	0	0	1
6	2	1	0	1	0
7	0	0	0	0	0
8	0	0	0	0	0
9	0	0	0	0	0
10	0	0	0	0	0

Simulation informatique - 3 sur 4					
Pour	684	172	170	171	171
indice a	Total	N° 1	N° 2	N° 3	N° 4
1	512	132	128	126	126
2	131	30	32	35	34
3	34	7	9	8	10
4	4	1	0	2	1
5	1	1	0	0	0
6	1	1	0	0	0
7	0	0	0	0	0
8	1	0	1	0	0
9	0	0	0	0	0
10	0	0	0	0	0

ADN Sequence - 3 sur 4					
Pour	684	169	171	175	169
indice a	Total	A	T	G	C
1	521	128	128	136	129
2	121	29	34	31	27
3	28	8	7	4	9
4	7	2	0	3	2
5	6	2	1	1	2
6	1	0	1	0	0
7	0	0	0	0	0
8	0	0	0	0	0
9	0	0	0	0	0
10	0	0	0	0	0



COMBINAISON DES 2 COURBES



INTERPRETATION - Dans toute série d'évènements, quelle qu'elle soit, les phénomènes produits sont intimement dépendants de ceux qui ne se produisent pas. On ne peut pas toucher aux éléments qui existent sans influencer et perturber leurs complémentaires. Concernant l'ADN et le clonage, des chercheurs ont déclarés après observation des résultats de leurs manipulations que les cellules ressemblaient à un "musée des horreurs." "Les chromosomes semblaient ne pas s'être dupliqués et séparés comme ils l'auraient dû. ... Certaines cellules avaient trop d'ADN, alors que d'autres paraissaient ne pas en avoir du tout." (Schatten, dans LA RECHERCHE, n° 334 - Sept 2000 - page 40) Ma théorie confirme bien cet aspect de "trop" d'un côté et de "pas assez" de l'autre. On peut pressentir que des manipulations "hasardeuses" pourraient être dangereuses.