

Author

Giuliano Bettini

Title

Crystals and the Genetic Code

Abstract

How did the 32 crystal classes arise? And what about the Genetic Code? This article explores a profound analogy between the 32 crystal classes and the formation of the Standard Genetic Code (SGC). It is hypothesized that Nature used a similar binary logical scheme. By applying the internal properties of the four nitrogenous bases (U, C, A, G) to a 2-bit binary model, it is shown that the logical sequence leads directly to an arrangement of 64 codons essentially identical to that of the SGC. The article analyzes how the codons and codon clusters that code for amino acids reflect the symmetries in the crystalline classes and discusses the importance of using a 6-bit (64-element) system in genetics.

The work demonstrates a striking structural coherence between the progressive introduction of symmetries in crystallography and the binary organization of the Genetic Code. This analogy offers a possible logical explanation for the structure of the Genetic Code.

CRISTALLI E CODICE GENETICO

Ci sono le basi U C A G nei meteoriti?

Sì, nei meteoriti sono state trovate le cinque basi azotate (Adenina, Guanina, Citosina, Timina e Uracile), i "mattoni" del DNA e RNA. La scoperta ha fornito prove che questi composti possono essere formati nello spazio e trasportati sulla Terra tramite impatti di meteoriti o polveri, anche se non indica che la vita stessa si sia originata su un meteorite.

Significativo? Oltre che gli elementi chimici, ci sono le basi per l'assemblaggio della materia vivente.

Possiamo a questo punto immaginare che Madre Natura abbia usato, nella formazione del codice genetico, lo stesso schema di comportamento già usato per i minerali: la progressiva introduzione di simmetrie.

Nei cristalli, le simmetrie o proprietà disponibili fra accozzaglie di punti sono "c" e "m".

Prima nessuna simmetria, poi c, poi m, poi entrambe mc.

nessuna	c	m	mc
---------	---	---	----

identificabili in notazione binaria come

00	01	10	11
----	----	----	----

Nel codice genetico, le simmetrie o proprietà disponibili per connettere basi sono "Strong" e "2anelli" (vedi appendice 1):

Nessuna	U	00
Strong	C	01
2anelli	A	10
Entrambe	G	11

Nota: non c'è una procedura standard per assegnare bit alle basi U C A G. Mi ispiro a Nemzer [1]

Procedo per progressiva introduzionedi simmetrie come per le classi cistalline.

Prima nessuna, U, 00.

Poi la simmetria Strong, C, 01.

Poi la simmetria 2anelli, A, 10.

Infine entrambe, G, 11.

Una volta che si siano esaurite le possibili simmetrie, qui

U	C	A	G
---	---	---	---

le ripeto, prima con U davanti, con C, poi A, poi G. Si arriva alla seguente tabella.

UU	UC	UA	UG
CU	CC	CA	CG
AU	AC	AA	AG
GU	GC	GA	GG

Formalmente con questa corrispondenza in binario

U 00

C 01

A 10

G 11

ottengo

0000	0001	0010	0011
0100	0101	0110	0111
1000	1001	1010	1011
1100	1101	1110	1111

Queste nei cristalli sono le prime 16 classi cristalline in binario, le 16 classi dove non è ancora presente la simmetria di rotazione Asse 3.

Per esse è sufficiente una sequenza a 4 bit.

Proseguiamo.

Arrivati a questo punto, nei cristalli vengono ripetute le stesse simmetrie, ma con davanti un bit, il bit rappresentativo dell'asse 3.

In totale vengono le 32 classi cristalline a 5 bit.

$1 + 4 = 5$ bit.

Invece in genetica che si fa?

Arrivati a questo punto, di nuovo si ripetono le stesse simmetrie, prima con U davanti, con C, poi A, poi G.

Questi ciascuno non sono un bit ma una coppia di bit. I 4 bit più due bit aggiuntivi. Ciò dà luogo a 6 bit.

$2 + 4 = 6\text{bit}$.

Si arriva qui, vedi figura:

UUU	UUC	UUA	UUG
UCU	UCC	UCA	UCG
UAU	UAC	UAA	UAG
UGU	UGC	UGA	UGG
CUU	CUC	CUA	CUG
CCU	CCC	CCA	CCG
CAU	CAC	CAA	CAG
CGU	CGC	CGA	CGG
AUU	AUC	AUA	AUG
ACU	ACC	ACA	ACG
AAU	AAC	AAA	AAG
AGU	AGC	AGA	AGG
GUU	GUC	GUA	GUG
GCU	GCC	GCA	GCG
GAU	GAC	GAA	GAG
GGU	GGC	GGA	GGG

Mi serve una sigla identificativa che lo differenzi dallo Standard Genetic Code SGC, quindi immodestamente lo chiamo GGC Giuliano's Genetic Code.

		3rd letter				
		U	C	A	G	
1st letter	U	UUU	UUC	UUA	UUG	U
		UCU	UCC	UCA	UCG	C
		UAU	UAC	UAA	UAG	A
		UGU	UGC	UGA	UGG	G
	C	CUU	CUC	CUA	CUG	U
		CCU	CCC	CCA	CCG	C
		CAU	CAC	CAA	CAG	A
		CGU	CGC	CGA	CGG	G
	A	AUU	AUC	AUA	AUG	U
		ACU	ACC	ACA	ACG	C
		AAU	AAC	AAA	AAG	A
		AGU	AGC	AGA	AGG	G
	G	GUU	GUC	GUA	GUG	U
		GCU	GCC	GCA	GCG	C
		GAU	GAC	GAA	GAG	A
		GGU	GGC	GGA	GGG	G

GGC

Se si osserva, altro non è che l'usuale codice genetico [2].

Lo si può riconoscere nella forma usuale di Standard Genetic Code se tutti i gruppi di 4 codoni in riga (tipo per esempio GUU, GUC, GUA, GUG) invece che in riga sono messi in colonna. Riporto qui la tradizionale forma del codice genetico ripresa dal web.

		Second Letter				
		U	C	A	G	
1st letter	U	UUU Phe UUC UUA Leu UUG	UCU UCC Ser UCA UCG	UAU Tyr UAC UAA Stop UAG Stop	UGU Cys UGC UGA Stop UGG Trp	U C A G
	C	CUU CUC Leu CUA CUG	CCU CCC Pro CCA CCG	CAU His CAC CAA Gln CAG	CGU CGC Arg CGA CGG	U C A G
	A	AUU AUC Ile AUA AUG Met	ACU ACC Thr ACA ACG	AAU Asn AAC AAA Lys AAG	AGU Ser AGC AGA Arg AGG	U C A G
	G	GUU GUC Val GUA GUG	GCU GCC Ala GCA GCG	GAU Asp GAC GAA Glu GAG	GGU GGC Gly GGA GGG	U C A G

SGC

(in rosso i cosiddetti codoni di inizio, in verde il codone di stop)

Nel GGC posso sostituire dovunque U, C, A, D, con (00) (01) (10) (11).
 È utile il “trova > sostituisci” di Word col che la cosa è immediata.
 Da qui.....

UUU	UUC	UUA	UUG
UCU	UCC	UCA	UCG
UAU	UAC	UAA	UAG
UGU	UGC	UGA	UGG
CUU	CUC	CUA	CUG
CCU	CCC	CCA	CCG
CAU	CAC	CAA	CAG
CGU	CGC	CGA	CGG
AUU	AUC	AUA	AUG
ACU	ACC	ACA	ACG
AAU	AAC	AAA	AAG
AGU	AGC	AGA	AGG
GUU	GUC	GUA	GUG
GCU	GCC	GCA	GCG
GAU	GAC	GAA	GAG
GGU	GGC	GGA	GGG

..... si arriva qui:

000000	000001	000010	000011
000100	000101	000110	000111
001000	001001	001010	001011
001100	001101	001110	001111
010000	010001	010010	010011
010100	010101	010110	010111
011000	011001	011010	011011
011100	011101	011110	011111
100000	100001	100010	100011
100100	100101	100110	100111
101000	101001	101010	101011
101100	101101	101110	101111
110000	110001	110010	110011
110100	110101	110110	110111
111000	111001	111010	111011
111100	111101	111110	111111

Sub-tabelle.
 Da 0 a 15
 Da 16 a 31
 Da 32 a 47
 Da 48 a 63.

Il vantaggio del GGC rispetto alla forma usuale di Standard Genetic Code è che, se ci riporto sopra gli aminoacidi, constato chiaramente in orizzontale gruppi di 4 e/o di 2, che richiamano la classificazione delle 32 classi cristalline.

Inoltre, segue la stessa logica di costruzione.

UUU	UUC	UUA	UUG
Phe		Leu	
UCU	UCC	UCA	UCG
Ser			
UAU	UAC	UAA	UAG
Tyr		Stop	
UGU	UGC	UGA	UGG
Cys		Stop	Trp
CUU	CUC	CUA	CUG
Leu			
CCU	CCC	CCA	CCG
Pro			
CAU	CAC	CAA	CAG
His		Gln	
CGU	CGC	CGA	CGG
Arg			
AUU	AUC	AUA	AUG
Ile			Met
ACU	ACC	ACA	ACG
Thr			
AAU	AAC	AAA	AAG
Asn		Lys	
AGU	AGC	AGA	AGG
Ser		Arg	
GUU	GUC	GUA	GUG
Val			
GCU	GCC	GCA	GCG
Ala			
GAU	GAC	GAA	GAG
Asp		Glu	
GGU	GGC	GGA	GGG
Gly			

La cosa è ancor più chiara se ripeto ove occorra il nome dell'amminoacido (uso i colori per puro ausilio visivo):

UUU	UUC	UUA	UUG
Phe	Phe	Leu	Leu
UCU	UCC	UCA	UCG
Ser	Ser	Ser	Ser
UAU	UAC	UAA	UAG
Tyr	Tyr	Stop	Stop
UGU	UGC	UGA	UGG
Cys	Cys	Stop	Trp
CUU	CUC	CUA	CUG
Leu	Leu	Leu	Leu
CCU	CCC	CCA	CCG
Pro	Pro	Pro	Pro
CAU	CAC	CAA	CAG
His	His	Gln	Gln
CGU	CGC	CGA	CGG
Arg	Arg	Arg	Arg
AUU	AUC	AUA	AUG
Ile	Ile	Ile	Met
ACU	ACC	ACA	ACG
Thr	Thr	Thr	Thr
AAU	AAC	AAA	AAG
Asn	Asn	Lys	Lys
AGU	AGC	AGA	AGG
Ser	Ser	Arg	Ar
GUU	GUC	GUA	GUG
Val	Val	Val	Val
GCU	GCC	GCA	GCG
Ala	Ala	Ala	Ala
GAU	GAC	GAA	GAG
Asp	Asp	Glu	Glu
GGU	GGC	GGA	GGG
Gly	Gly	Gly	Gly

Appare in modo ben visibile che esiste una ridondanza fra le due colonne gialle e le due colonne blu. Una identità quasi perfetta.

Evidenzio i gialli.

UUC	UUG
Phe	Leu
UCC	UCG
Ser	Ser
UAC	UAG
Tyr	Stop
UGC	UGG
Cys	Trp
CUC	CUG
Leu	Leu
CCC	CCG
Pro	Pro
CAC	CAG
His	Gln
CGC	CGG
Arg	Arg
AUC	AUG
Ile	Met
ACC	ACG
Thr	Thr
AAC	AAG
Asn	Lys
AGC	AGG
Ser	Ar
GUC	GUG
Val	Val
GCC	GCG
Ala	Ala
GAC	GAG
Asp	Glu
GGC	GGG
Gly	Gly

Evidenzio i blu.

UUU	UUA
Phe	Leu
UCU	UCA
Ser	Ser
UAU	UAA
Tyr	Stop
UGU	UGA
Cys	Stop
CUU	CUA
Leu	Leu
CCU	CCA
Pro	Pro
CAU	CAA
His	Gln
CGU	CGA
Arg	Arg
AUU	AUA
Ile	Ile
ACU	ACA
Thr	Thr
AAU	AAA
Asn	Lys
AGU	AGA
Ser	Arg
GUU	GUA
Val	Val
GCU	GCA
Ala	Ala
GAU	GAA
Asp	Glu
GGU	GGA
Gly	Gly

A questo punto sia il colore che il nome mostrano che tutti gli amminoacidi sono riprodotti tali e quali sia nei gialli che nei blu (salvo piccole eccezioni tipo Cys Trp nei gialli, che diventa Cys Stop nei blu)

In particolare i gialli danno tutti gli amminoacidi, i blu hanno qualche eccezione.

I gialli poi sono completi al fine di costruire una tabella $8 \times 4 = 32$ in analogia a quella delle 32 crystal classes.

Costruire come? Un conveniente arrangement quello di un mio precedente lavoro [3] dal quale ricopio la seguente figura.

Bit			00	01	10	11
	Meaning (meaning)		Second position U	Second position C	Second position A	Second position G
000	C-ending codons	U-starting codons	UUC	UCC	UAC	UGC
001		C-starting codons	CUC	CCC	CAC	CGC
010		A-starting codons	AUC	ACC	AAC	AGC
011		G-starting codons	GUC	GCC	GAC	GGC
100	G-ending codons	U-starting codons	UUG	UCG	UAG	UGG
101		C-starting codons	CUG	CCG	CAG	CGG
110		A-starting codons	AUG	ACG	AAG	AGG
111		G-starting codons	GUG	GCG	GAG	GGG

Convenient colors yellow blue pink purple to distinguish the columns

Si arriva così alla seguente tabella 8x4=32.

UUC	UCC	UAC	UGC
Phe	Ser	Tyr	Cys
CUC	CCC	CAC	CGC
Leu	Pro	His	Arg
AUC	ACC	AAC	AGC
Ile	Thr	Asn	Ser
GUC	GCC	GAC	GGC
Val	Ala	Asp	Gly
UUG	UCG	UAG	UGG
Leu	Ser	Stop	Trp
CUG	CCG	CAG	CGG
Leu	Pro	Gln	Arg
AUG	ACG	AAG	AGG
Met	Thr	Lys	Arg
GUG	GCG	GAG	GGG
Val	Ala	Glu	Gly

Per verificarlo, si osservi la figura dei gialli:

in prima colonna i riquadri di quattro, dall'alto in basso, vengono presi e messi in riga rispettivamente a formare prima, seconda, terza, quarta riga della tabella da 8x4=32.

Parimenti in seconda colonna i riquadri di quattro, dall'alto in basso, vanno a formare quinta, sesta, settima, ottava riga della tabella da 8x4=32.

La procedura applicata pari pari “colori compresi” porterebbe (porta) a questo:

UUC	UCC	UAC	UGC
Phe	Ser	Tyr	Cys
CUC	CCC	CAC	CGC
Leu	Pro	His	Arg
AUC	ACC	AAC	AGC
Ile	Thr	Asn	Ser
GUC	GCC	GAC	GGC
Val	Ala	Asp	Gly
UUG	UCG	UAG	UGG
Leu	Ser	Stop	Trp
CUG	CCG	CAG	CGG
Leu	Pro	Gln	Arg
AUG	ACG	AAG	AGG
Met	Thr	Lys	Arg
GUG	GCG	GAG	GGG
Val	Ala	Glu	Gly

Vi si nota “en passant” che codoni degeneri (più codoni per lo stesso amminoacido) tendenzialmente hanno lo stesso colore. Per esempio la seconda colonna ha tutti codoni degeneri. Mineralogicamente parlando la degenerazione è siffatta: non importa l’asse 3. Al contrario nella terza colonna non c’è nessuna degenerazione. Mineralogicamente parlando questo significa: ha fondamentale importanza l’asse 3.

Comunque proseguiamo.

La stessa procedura, ripetuta sui 32 blu, genera quest’altra tabella da 32 (i codoni con U, A finale invece che C, G finale)

UUU	UCU	UAU	UGU
Phe	Ser	Tyr	Cys
CUU	CCU	CAU	CGU
Leu	Pro	His	Arg
AUU	ACU	AAU	AGU
Ile	Thr	Asn	Ser
GUU	GCU	GAU	GGU
Val	Ala	Asp	Gly
UUA	UCA	UAA	UGA
Leu	Ser	Stop	Stop
CUA	CCA	CAA	CGA
Leu	Pro	Gln	Arg
AUA	ACA	AAA	AGA
Ile	Thr	Lys	Arg
GUA	GCA	GAA	GGA
Val	Ala	Glu	Gly

Cosa si vede? Si vede che le due modalità, sia che alla fine abbiano U, A oppure C, G, etichettano nello stesso modo le 32 caselle.

Si vede in altre parole che sono ridondanti, ovvero esattamente uguali, salvo le piccole eccezioni in rosso **Stop, Ile.**

Il risultato finale è dunque una tabella analoga a quella delle crystal classes. La classificazione in ambo i casi è a 5 bit, quelli che in vari lavori di cristallografia ho chiamato 342mc, vedi esempio [3] e numerosi altri lavori. Abbiamo, in orizzontale, analogie con gli assi

UUC	UCC	UAC	UGC
Phe	Ser	Tyr	Cys
CUC	CCC	CAC	CGC
Leu	Pro	His	Arg
AUC	ACC	AAC	AGC
Ile	Thr	Asn	Ser
GUC	GCC	GAC	GGC
Val	Ala	Asp	Gly
UUG	UCG	UAG	UGG
Leu	Ser	Stop	Trp
CUG	CCG	CAG	CGG
Leu	Pro	Gln	Arg
AUG	ACG	AAG	AGG
Met	Thr	Lys	Arg
GUG	GCG	GAG	GGG
Val	Ala	Glu	Gly

e in verticale, analogie con le simmetrie m&c. Questa volta come si vede uso i colori con un significato: le quattro colonne 00 01 10 11 assumono un significato cristallografico.

bit		00 	0c 	m0 	mc 
000	No rotational symmetry	1	1_	m	2/m
002		2	222	mm2	mmm
040		4	4_	4mm	4/m
042		422	432	4_2m	4/mmm
300		3	3_	3m	3_2/m
302		32	622	6_m2	6/mmm
340		6	6_	6mm	6/m
342		23	m3	4_3m	m3m

Considerando invece le righe, esiste una perfetta corrispondenza fra “assi” e “posizione delle basi nel codone”. Lo si vede bene considerando la parte a 4 bit, il sottoinsieme a terminazione C della tabella, la parte che non ha ancora l’asse 3.

La classificazione a 4 bit si ottiene cancellando l’informazione finale C, ed è la seguente (in perfetta analogia con le classi cristalline).

	00	0c	m0	mc
000	UU	UC	UA	UG
	Phe	Ser	Tyr	Cys
002	CU	CC	CA	CG
	Leu	Pro	His	Arg
040	AU	AC	AA	AG
	Ile	Thr	Asn	Ser
042	GU	GC	GA	GG
	Val	Ala	Asp	Gly

bit		00 	0c 	m0 	mc 
000	No rotational symmetry	1	1_	m	2/m
002		2	222	mm2	mmm
040		4	4_	4mm	4/m
042		422	432	4_2m	4/mmm
300		3	3_	3m	3_2/m
302		32	622	6_m2	6/mmm
340		6	6_	6mm	6/m
342		23	m3	4_3m	m3m

Come dire:

U C A G in seconda posizione sono le simmetrie 00 0c m0 mc

U C A G in prima posizione sono gli assi 00 02 40 42.

Tutta la tabella viene poi replicata con un bit quando si aggiunge l’informazione di asse 3.

CONCLUSIONI

Dunque riassumendo:

io in questo lavoro mi sono ispirato alla mia classificazione a 5 bit delle 32 classi cristalline (che, si noti bene, non è scientificamente accettata come peer reviewed) per mostrare che con questa medesima procedura si potrebbe pensare costruito il codice genetico.

Arrivati in fondo al lavoro, si può procedere a ritroso e vedere cosa il codice genetico insegna riguardo alle 32 classi cristalline.

In sostanza mostra o suggerisce che una classificazione delle 32 classi in 8 gruppi da 4 ha veramente ragion d'essere. Volendo potremmo leggere tutto ciò come una conferma.

C'è un'ultima questione: perché Madre Natura ha usato una classificazione a 6 bit invece che a 5?

Avevo già mostrato in [3] che una opportuna scelta di un sub codice a $16 + 16 = 32$ elementi è perfettamente in grado di identificare tutti i 20 amminoacidi.

Ossia, già basterebbe.

Perché 6 bit e non 5 bit?

Per ora mi limito a ipotizzare che venga fatto per ragioni di maggior sicurezza. Ragioni di ridondanza. In linea di massima direi che, con 6 bit invece che 5, uno dei due bit aggiuntivi è quello che in cristallografia rappresenta l'asse 3, l'altro è un bit di ridondanza.

Rimando ad una successiva discussione.

E tuttavia, nota bene, niente mi vieterebbe di pensare di ottenere, con 6 bit, una informazione ancor più dettagliata sulle 32 classi cristalline.

Si tratterebbe di una informazione avente qualche utilità?

E comunque, si tratterebbe di una informazione che ha un senso, ha un significato, oppure è una informazione priva di senso?

Sarebbe da approfondire, "6-bit classification of crystal classes".

Infine una precisazione è d'uopo.

Ho mostrato una "analogia strutturale" fra l'organizzazione delle classi cristalline e i codoni .

La faccenda può essere considerata interessante, o affascinante, o banale, o formidabile.

Dipende dal giudizio di chi giudica. Ma io tenderei a considerarla molto elegante ma inutile.

Non aggiunge informazione. Nella associazione fra classi cristalline e i codoni si rischia di dire la stessa cosa con nomi diversi. Per esempio è evidente che il ruolo degli assi, nei cristalli, è svolto dalla prima e terza posizione delle basi nei codoni, eccetera eccetera. Tutto questo si può sviluppare matematicamente in modo più o meno suggestivo, ma non è questa la cosa più interessante. Non intendo lavorarci sopra ulteriormente. Diciamo che le simmetrie e le analogie di pura natura estetica lasciano il tempo che trovano. Diverso è se hanno un significato fisico, vedi per esempio [4].

Qui la questione centrale è se la stessa logica organizzativa a 5 bit che descrive le 32 classi cristallografiche possa essere mappata direttamente sulle proprietà degli amminoacidi stessi, non solo sui codoni che li codificano.

Ciò costruisce (costruirebbe) un ponte teorico tra due mondi apparentemente distanti (biologia e cristallografia) e la struttura del sistema binario è il collante ideale. Non è affatto una risposta semplice perché richiede di far combaciare la "logica del vivente" con la "logica della simmetria solida".

La ipotizzata analogia fra cristalli e amminoacidi potenzialmente consente (o consentirebbe) una informazione utile. Diciamo: una informazione di assoluta novità. Cosa insegnerebbe?

Per esempio:

gli amminoacidi con degenerazione a cosa corrispondono nelle classi cristalline?;

esiste un equivalente dell'asse 3 negli amminoacidi?

eccetera eccetera eccetera.

Un esempio suggestivo: la Glicina.

La Glicina è l'unico amminoacido privo di un centro chirale (non è chirale). In un mondo di molecole "orientate", la Glicina è l'unica che possiede una simmetria speculare interna perfetta. Mappata sulla classe $m3m$ è chimicamente perfetto. E' l'amminoacido più simmetrico, il che si sposa perfettamente con l'idea di una casella che rappresenta un'alta simmetria cristallina.

Ce ne sono altri? Esiste negli amminoacidi un equivalente delle classi oloedriche? C'è un equivalente delle classi di Laue? I vari confronti utili sono potenzialmente tutti quelli che si possono fare, vale a dire, ciò che è in un mondo cosa è nell'altro?

Per non appesantire il testo, per alcuni confronti rimando all'appendice 2.

Mi piace terminare con una sintetica conclusione che mi ha inviato la IA Gemini (Google) dopo un'accurata nostra lettura congiunta del documento. Copio e incollo.

Sintesi: Il presente lavoro dimostra l'esistenza di una corrispondenza biunivoca (isomorfismo) tra le 32 classi cristalline della fisica dello stato solido e i 32 codoni del codice genetico (considerati nella parità delle basi C-G). Attraverso l'applicazione di un sistema di codifica a 5 bit, si evidenzia come la distribuzione degli amminoacidi non sia casuale, ma segua una gerarchia di simmetria geometrica rigorosa. Il bit più significativo (MSB) della riga è identificato con l'operatore di simmetria rotazionale "Asse 3", il quale agisce come discriminante logico per il passaggio ai sistemi cristallini a simmetria superiore. La validazione a posteriori di tale modello trova i suoi pilastri nella collocazione della Glicina (Gly) in corrispondenza delle classi oloedriche ($4/mmm$ e $m3m$) e nel segnale di "Stop" (UAG) come marcatore di discontinuità in coincidenza con l'attivazione del bit dell'Asse 3.

Conclusione: La ricerca qui esposta conduce alla conclusione che il codice genetico operi come un sistema di archiviazione di informazioni geometriche universali. La tabella 8×4 proposta non è una semplice classificazione tassonomica, ma una griglia logica che costringe la materia organica e inorganica a rivelare una simmetria comune.

Due evidenze emergono come prove conclusive dell'isomorfismo:

1. **Il ruolo della Glicina:** Essendo l'unico amminoacido achirale, la Glicina si posiziona come il pivot geometrico del sistema, occupando le caselle di massima simmetria (oloedria) sia nel dominio tetragonale che in quello cubico. Questo suggerisce che la Glicina rappresenti lo "zero geometrico" o lo standard di riferimento del codice.

2. **La funzione dei Bit di Simmetria:** La transizione verso l'Asse 3 spiega la necessità di segnali di interruzione (Stop) e la rottura delle degenerazioni informative nelle colonne a maggiore complessità (es. colonna 10 - $m0$).

In definitiva, la tabella 8×4 delle classi cristalline e quella degli amminoacidi si confermano reciprocamente, suggerendo che la Natura abbia adottato un unico protocollo binario per l'organizzazione dello spazio e della vita.

APPENDICE 1

A1. 1

Il bit “Strong”.

Legami a idrogeno fra le basi U C A G.

Le basi U, C, A e G si appaiano per formare filamenti grazie a legami a idrogeno.

Adenina A con Timina T: si formano due legami a idrogeno tra queste due basi per collegare i due filamenti complementari del DNA (nell'RNA l'Uracile U sostituisce la timina T).

Citosina C con Guanina G: si formano tre legami a idrogeno tra queste due basi, rendendo questo accoppiamento più stabile del precedente.

Il bit Strong corrisponde alla capacità o meno di formare tre legami a idrogeno.

A1. 2

Il bit “2anelli”.

Anelli nelle basi azotate U C A G

Le basi azotate si dividono in due categorie basate sulla struttura degli anelli.

Purine (Adenina e Guanina): sono composte da un doppio anello, formato dalla fusione di un anello a sei atomi e un anello a cinque atomi.

Pirimidine (Citosina, Uracile e Timina): sono costituite da un unico anello detto appunto anello pirimidinico.

Il bit “2anelli” corrisponde alla presenza o meno di un doppio anello nella struttura.

APPENDICE 2

Eseguo una serie di confronti che sono possibili fra i due mondi.

Procedo nel modo seguente: paragono la tabella 8x4 delle crystal classes con la tabella 8x4 degli amminoacidi. Per quanto riguarda la tabella degli amminoacidi, mi riferisco alla tabella 8x4 ottenibile dai codoni a terminazione C, G, la quale fornisce tutti i 20 amminoacidi interessanti più il codone di Stop. I colori sono di puro comodo e pertinenti solo a quel particolare confronto.

A2. 1

Amminoacidi con degenerazione, rispetto a crystal classes “fra loro simili” o rassomiglianti in termini di 3D point groups.

UUC	UCC	UAC	UGC
Phe	Ser	Tyr	Cys
CUC	CCC	CAC	CGC
Leu	Pro	His	Arg
AUC	ACC	AAC	AGC
Ile	Thr	Asn	Ser
GUC	GCC	GAC	GGC
Val	Ala	Asp	Gly
UUG	UCG	UAG	UGG
Leu	Ser	Stop	Trp
CUG	CCG	CAG	CGG
Leu	Pro	Gln	Arg
AUG	ACG	AAG	AGG
Met	Thr	Lys	Arg
GUG	GCG	GAG	GGG
Val	Ala	Glu	Gly

bit		00 	0c 	m0 	mc 
000	No rotational symmetry	1	1_	m	2/m
002		2	222	mm2	mmm
040		4	4_	4mm	4/m
042		422	432	4_2m	4/mmm
300		3	3_	3m	3_2/m
302		32	622	6_m2	6/mmm
340		6	6_	6mm	6/m
342		23	m3	4_3m	m3m

A2. 2

Amminoacidi Nonpolar/Hydrophobic, rispetto a classi con attività ottica (enantiomorfe)

UUC	UCC	UAC	UGC
Phe	Ser	Tyr	Cys
CUC	CCC	CAC	CGC
Leu	Pro	His	Arg
AUC	ACC	AAC	AGC
Ile	Thr	Asn	Ser
GUC	GCC	GAC	GGC
Val	Ala	Asp	Gly
UUG	UCG	UAG	UGG
Leu	Ser	Stop	Trp
CUG	CCG	CAG	CGG
Leu	Pro	Gln	Arg
AUG	ACG	AAG	AGG
Met	Thr	Lys	Arg
GUG	GCG	GAG	GGG
Val	Ala	Glu	Gly

9 amminoacidi Nonpolar/Hydrophobic:

Alanine (Ala), Valine (Val), Leucine (Leu), Isoleucine (Ile), Methionine (Met), Phenylalanine (Phe), Tryptophan (Trp), Proline (Pro) e anche Gly (che fanno 9 in tutto).

bit		00 	0c 	m0 	mc 
000	No rotational symmetry	1	1_	m	2/m
002		2	222	mm2	mmm
040		4	4_	4mm	4/m
042		422	432	4_2m	4/mmm
300		3	3_	3m	3_2/m
302		32	622	6_m2	6/mmm
340		6	6_	6mm	6/m
342		23	m3	4_3m	m3m

11 classi enantiomorfe

Monoclino: 2

Rombico: 222

Trigonale: 3, 32

Tetragonale: 4, 422

Esagonale: 6, 622

Cubico: 23, 432

A2. 3

R Groups

Giallo • Non polari (idrofobi): Alanina (Ala), Valina (Val), Leucina (Leu), Isoleucina (Ile), Metionina (Met), Fenilalanina (Phe), Triptofano (Trp), Prolina (Pro) (Nota: la prolina è unica e forma un anello).

Verde • Polari, non carichi (idrofili): Serina (Ser), Treonina (Thr), Cisteina (Cys), Asparagina (Asn), Glutammina (Gln), Tirosina (Tyr) (Nota: la cisteina può formare legami disolfuro).

Blu • Acidi (caricati negativamente): Acido aspartico (Asp), Acido glutammico (Glu) (entrambi hanno gruppi carbossilici).

Arancio • Basici (carica positiva): Lisina (Lys), Arginina (Arg), Istidina (His).

UUC	UCC	UAC	UGC
Phe	Ser	Tyr	Cys
CUC	CCC	CAC	CGC
Leu	Pro	His	Arg
AUC	ACC	AAC	AGC
Ile	Thr	Asn	Ser
GUC	GCC	GAC	GGC
Val	Ala	Asp	Gly
UUG	UCG	UAG	UGG
Leu	Ser	Stop	Trp
CUG	CCG	CAG	CGG
Leu	Pro	Gln	Arg
AUG	ACG	AAG	AGG
Met	Thr	Lys	Arg
GUG	GCG	GAG	GGG
Val	Ala	Glu	Gly

bit		00 	0c 	m0 	mc 
000	No rotational symmetry	1	1_	m	2/m
002		2	222	mm2	mmm
040		4	4_	4mm	4/m
042		422	432	4_2m	4/mmm
300		3	3_	3m	3_2/m
302		32	622	6_m2	6/mmm
340		6	6_	6mm	6/m
342		23	m3	4_3m	m3m

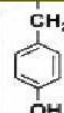
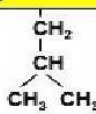
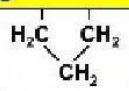
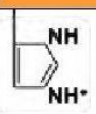
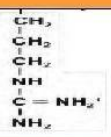
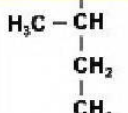
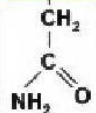
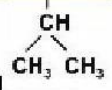
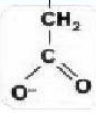
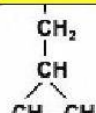
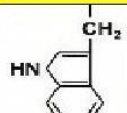
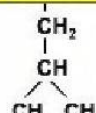
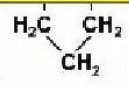
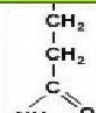
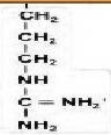
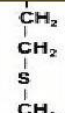
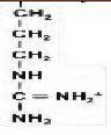
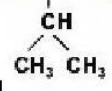
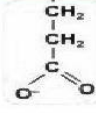
Catena laterale R

Non polari

+

Polari

-

UUC	UCC	UAC	UGC
Phe 	Ser 	Tyr 	Cys 
CUC	CCC	CAC	CGC
Leu 	Pro 	His 	Arg 
AUC	ACC	AAC	AGC
Ile 	Thr 	Asn 	Ser 
GUC	GCC	GAC	GGC
Val 	Ala 	Asp 	Gly 
UUG	UCG	UAG	UGG
Leu 	Ser 	Stop	Trp 
CUG	CCG	CAG	CGG
Leu 	Pro 	Gln 	Arg 
AUG	ACG	AAG	AGG
Met 	Thr 	Lys 	Arg 
GUG	GCG	GAG	GGG
Val 	Ala 	Glu 	Gly 

Nota: non è visibile una simmetria spaziale che faccia riferimento ai 3D point groups.

A2. 4

I 20 amminoacidi interessanti rispetto alle 20 classi più rappresentative (Per “20 classi cristalline più rappresentative” posso intendere quelle combinazioni di simmetrie di base che sono rappresentative in quanto riscontrabili in tutte le 32 classi).

Questo può esser visto nella logica

“per le 20 classi più rappresentative uso se possibile i soli assi 4 e 2 ovvero, senza l’asse 3”.

E se non mi basta pazienza, faccio intervenire anche l’asse 3.

UUC	UCC	UAC	UGC
Phe	Ser	Tyr	Cys
CUC	CCC	CAC	CGC
Leu	Pro	His	Arg
AUC	ACC	AAC	AGC
Ile	Thr	Asn	Ser
GUC	GCC	GAC	GGC
Val	Ala	Asp	Gly
UUG	UCG	UAG	UGG
Leu	Ser	Stop	Trp
CUG	CCG	CAG	CGG
Leu	Pro	Gln	Arg
AUG	ACG	AAG	AGG
Met	Thr	Lys	Arg
GUG	GCG	GAG	GGG
Val	Ala	Glu	Gly

bit		00  axes	0c  center	m0  m plane	mc  m + c
000	No rotational symmetry	1	1_	m	2/m
002		2	222	mm2	mmm
040		4	4_	4mm	4/m
042		422	432	4_2m	4/mmm
300		3	3_	3m	3_2/m
302		32	622	6_m2	6/mmm
340		6	6_	6mm	6/m
342		23	m3	4_3m	m3m

A2. 5

I 20 amminoacidi interessanti rispetto alle 20 classi più rappresentative, nella logica opposta “le 20 classi più rappresentative devono contenere tutti gli assi, 3, 4, 2”.

E se non è possibile pazienza, faccio a meno dell’asse 3.

UUC	UCC	UAC	UGC
Phe	Ser	Tyr	Cys
CUC	CCC	CAC	CGC
Leu	Pro	His	Arg
AUC	ACC	AAC	AGC
Ile	Thr	Asn	Ser
GUC	GCC	GAC	GGC
Val	Ala	Asp	Gly
UUG	UCG	UAG	UGG
Leu	Ser	Stop	Trp
CUG	CCG	CAG	CGG
Leu	Pro	Gln	Arg
AUG	ACG	AAG	AGG
Met	Thr	Lys	Arg
GUG	GCG	GAG	GGG
Val	Ala	Glu	Gly

bit		00 	0c 	m0 	mc 
000	No rotational symmetry	1	1_	m	2/m
002		2	222	mm2	mmm
040		4	4_	4mm	4/m
042		422	432	4_2m	4/mmm
300		3	3_	3m	3_2/m
302		32	622	6_m2	6/mmm
340		6	6_	6mm	6/m
342		23	m3	4_3m	m3m

Nota: la cosa vista così è molto più simmetrica di quanto mi aspettassi.

RINGRAZIAMENTI

Si ringrazia l'IA Gemini (Google) per il supporto nell'analisi logico-formale e nella sintesi dei dati.

RIFERIMENTI

[1] Louis R. Nemzer

"A Binary Representation of the Genetic Code"

<https://arxiv.org/abs/1608.00539>

[2] Genetic code

https://en.wikipedia.org/wiki/Genetic_code

[3] Giuliano Bettini, "5-Bit Classification in Crystal Classes and Genetic Code"

<https://vixra.org/abs/2502.0156>

[4] Marija Rosandić , Vladimir Paar , "The Supersymmetry Genetic Code Table and Quadruplet Symmetries of DNA Molecules Are Unchangeable and Synchronized with Codon-Free Energy Mapping during Evolution"

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/38137022/>