

A genetikai kódban megjelenő *Sd-effektus*, avagy a 64-ből 20 triplet strukturális magyarázata

A természet a genetikai kódot mindössze 4 jelre, azaz négy bázisra (speciális molekulára) építette. Ezek: *A=adenin*, *T=timin*, *G=guanin*, *C=citozin*

A genetikai ABC-t az ezekből a bázisokból felépülő bázishármasok, *tripletek* alkotják. Mivel a tripletekben mindhárom helyen pontosan e négy bázis fordulhat elő, kombinatorikusan a genetikai ABC betűinek száma $4^3=64$.

Azonban a természet különös megoldása, hogy eme lehetséges 64 betűs ABC-ből mindössze alig több mint 20-at használ fel az egész élővilág „könyvének” leírásához.¹ A mai tudomány számára ez tapasztalati tény (lásd T.Dénes Tamás: TitokTan Trilógia 1.kötet, *Kódtörő ABC* 59.oldal), amely arra mutat rá, hogy a természet sokszor nem írható le kvantitatív matematikai eszközökkel.

Az alábbiakban megmutatjuk, hogy a 4 elem által definiált struktúrákra alkalmazott *struktúra-differencia effektus* (*Sd-effektus*) éppen a természet által követett megoldásra vezet.

Az 1.1.-1.12. ábrák bemutatják a négy bázismolekula összes lehetséges (12-féle) alapstruktúráját. Az *Sd-effektus elmélet*² szerint a bázishármasok (tripletek) ebből a 12-féle alapstruktúrából állnak elő oly módon, hogy az egy tripletbe tartozó három alapstruktúra *Sd*-száma, azaz struktúra-differenciája minimális legyen.

DEFINÍCIÓ (*Sd = Struktúra-differencia*)

Legyen G_1 és G_2 két egyszerű gráf, ekkor a két gráf struktúra-differenciája:

$$(1) \quad Sd(G_1, G_2) = |(G_1 \cup G_2)| - |G_1 \cap G_2|$$

----- . -----

SEGÉDTÉTEL

Legyenek G_1 , G_2 , G_3 páronként nem izomorf, irányítatlan egyszerű gráfok, ekkor

$$(2) \quad \min (Sd(G_1, G_2) + Sd(G_1, G_3) + Sd(G_2, G_3)) = 4$$

Bizonyítás

Mivel a gráfok páronként nem izomorfak, így bármely kettő *Sd értéke* legalább 1. Bebizonyítjuk, hogy a három *Sd érték* közül az egyik legalább 2.

Jelölések: \oplus a gráfbeli összeadás, \ominus a gráfbeli kivonás műveletét jeleli.

$$(3) \quad Sd(G_1, G_2) = 1 \Rightarrow G_2 = G_1 \oplus e$$

$$(4) \quad Sd(G_2, G_3) = 1 \Rightarrow G_3 = G_2 \oplus f \text{ (nyilván } f \neq e, \text{ mivel } e \text{ már } G_2\text{-ben van)}$$

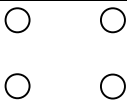
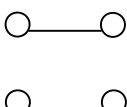
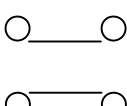
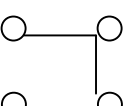
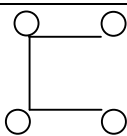
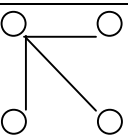
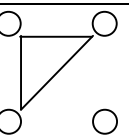
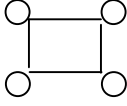
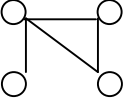
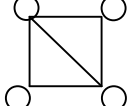
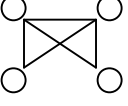
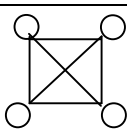
¹ Érdekes, hogy az emberi nyelvek közül a legtakarékosabb angol ABC is 26 betűvel dolgozik.

² Az *Sd-effektus* jelen szerző multistruktúra elméletének alapvető fogalma. Az elméletet összefoglaló kötet megjelenés alatt van, a következő címmel: *Rendszer-holográfia (Az anyag-energia-információ általános multistruktúra elmélete)*

$$(5) \quad G_3 \ominus G_1 = G_2 \oplus f \ominus G_1 = G_1 \oplus e \oplus f \ominus G_1 = e \oplus f \Rightarrow Sd(G_1, G_3) = 2$$

Q.E.D.

Tekintsük az összes nem izomorf³ 4-szögpontú irányítatlan gráfot (lásd 1.1.-1.12.ábra).

0 élű gráf	1.1.ábra 		
1 élű gráf	1.2.ábra 		
2 élű gráf	1.3.ábra 	1.4.ábra 	
3 élű gráf	1.5.ábra 	1.6.ábra 	1.7.ábra 
4 élű gráf	1.8.ábra 	1.9.ábra 	
5 élű gráf	1.10.ábra 	1.11.ábra 	
6 élű gráf	1.12.ábra 		

A továbbiakhoz felhasználjuk a fenti Segédteletből következő alábbi tételt:

1.TÉTEL

Az 1.1.-1.12.ábrák négy pontú alapstruktúrái közül bármely három kiválasztása esetén, a három struktúra páronkénti struktúra-differencia (Sd) összegének minimuma 4.

----- . -----

A következő 2.1., 2.2., 2.3, ... ábrákon szerepel a fenti alapstruktúrákból kiválasztható összes olyan struktúra-hármas (triád), amelyekben az Sd összeg 4.

Ezzel tehát az Sd -effektust alkalmazzuk a bázis molekulák kapcsolódási struktúrájára, vagyis modellünk a természet kódolási mechanizmusát (a strukturális kódolást) és nem a kvantitatív

³ Izomorfoknak nevezünk két azonos szögpontszámú gráfot, ha a szögpontjaik valamely átszámolásával az összes élük megegyezik.

kombinatorikus modell lehetőségeit alkalmazza. A kombinatorikus modell ugyanis egy elméleti konstrukció lehetőségeit mutatja, amelynek következménye az az emberi kérdés, hogy „A 64 lehetőségből miért csak 20-at használ a természet?”

Pedig egyszerűen arról van szó, hogy a kombinatorikus modell nem jó a tripletek kialakulásának modellezésére. Az *Sd-effektuson* alapuló strukturális modell pontosan a valóságnak megfelelő 20+4 tripletet mutatja!⁴

A kombinatorikus modellt sem a négy aminosav „nevére”, hanem a kapcsolódási struktúráikra kell alkalmazni, így válik érthetővé, hogy tulajdonképpen nem 64 triplet képezi a változatosság alapját, hanem a következő kombinatorikus számítások eredménye:

Az összes 4 elemű struktúrák száma (izomorfizmustól eltekintve) = $2^{2^4} \cdot 4! = 1.572.864$

A tripletek tehát úgy alakulnak ki, hogy ezek közül választunk ki hármat. Ezen kiválasztások

összes lehetséges száma = $\binom{2^{2^4} \cdot 4!}{3} = 648.517.109.391.294.464$, amely érték

108.086.184-szerese a ma élő emberiség létszámának (6 milliárd ember)!

Ha tehát ennyiféle struktúrában állhat elő egyetlen triplet, akkor érthetővé válik a teljes DNS lánc mérhetetlen változatossága, hiszen abban több ezer, sőt tízezer ilyen triplet kapcsolódik össze. Ez adja az élővilág igazi változatosságának kombinatorikus magyarázatát.

----- . -----

Jelölések a 2.1.-2.24. ábrákon:

A=adenin (*piros*), T=timin (*sárga*), G=guanin (*kék*), C=citozin (*zöld*)

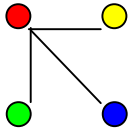
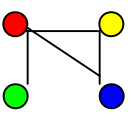
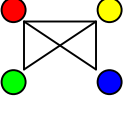
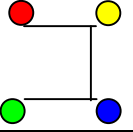
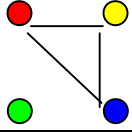
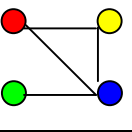
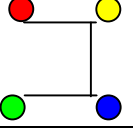
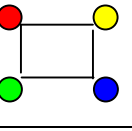
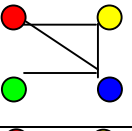
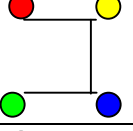
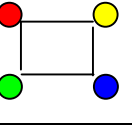
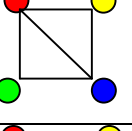
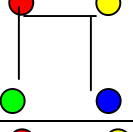
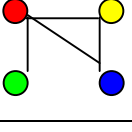
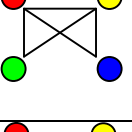
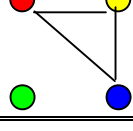
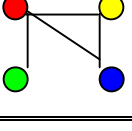
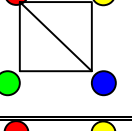
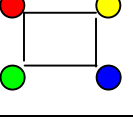
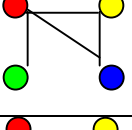
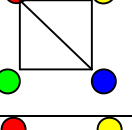
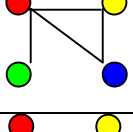
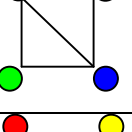
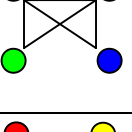
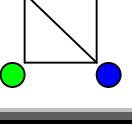
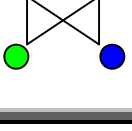
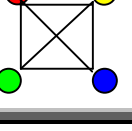
Sd= Struktúra-differencia (ha két gráf megfelelő színű pontjait egymásra helyezzük, akkor *Sd* a nem közös élek száma). Az ábrák az egy sorban lévő három gráf páronként kiszámított összes *Struktúra-differenciáját* mutatják a sor végén ($\sum Sd$).

2.1.ábra				$\sum Sd = 4$
2.2.ábra				$\sum Sd = 4$
2.3.ábra				$\sum Sd = 4$

⁴ A plussz 4 triplet a kódolás során elválasztó jelekként értelmezhető.

2.4.ábra				$\sum S_d = 4$
2.5.ábra				$\sum S_d = 4$
2.6.ábra				$\sum S_d = 4$
2.7.ábra				$\sum S_d = 4$
2.8.ábra				$\sum S_d = 4$
2.9.ábra				$\sum S_d = 4$
2.10.ábra				$\sum S_d = 4$
2.11.ábra				$\sum S_d = 4$
2.12.ábra				$\sum S_d = 4$

2.13.ábra				$\sum S_d = 4$
2.14.ábra				$\sum S_d = 4$
2.15.ábra				$\sum S_d = 4$

2.16.ábra				$\sum Sd = 4$
2.17.ábra				$\sum Sd = 4$
2.18.ábra				$\sum Sd = 4$
2.19.ábra				$\sum Sd = 4$
2.20.ábra				$\sum Sd = 4$
2.21.ábra				$\sum Sd = 4$
2.22.ábra				$\sum Sd = 4$
2.23.ábra				$\sum Sd = 4$
2.24.ábra				$\sum Sd = 4$

Íme a 2.1.-2.24. ábrákon a strukturális válasz a címben felvetett problémára, mely szerint:
„A 21. század első évtizedében még megoldatlan tudományos kérdés, hogy a genetikai kódban három helyen alkalmazott négy bázis lehetősége miatt nem 64 hanem csupán 20 (+4) aminosavat határoz meg az élő anyagban.”

Budapest, 2007. december 7.

T.Dénes Tamás (s.k.)