

• 学术争鸣 •

关于 Crick 4³ 遗传密码表的质疑研究

杨星阳

(美中贸易发展协会 北京 100004)

摘要: 本文重点报道当前生命科学界正在通用的 Crick 4³ 遗传密码表在数学排列组合计算, 化学反应方程描述式, “DNA~蛋白质”间关系的逻辑对应, 及其在遗传学上的应用等方面存在的系列错误。旨在建议科学工作者重新探索“DNA~蛋白质”间化学关系的表达。文尾的演绎与演示部分再现了密码子引以确立的经典化学反应, 读者朋友可以自行演示密码子和密码表的论证过程, 从而发现密码表结论的各个系列错误。

关键词: Crick 4³ 遗传密码表; 错误

中图分类号: Q755 **文献标识码:** A

The Genetic Codes Given by F.H.C.Crick Is Probably Completely Wrong

YANG Xing-yang

(Sino American Trade Development Association, 100004, Beijing)

5-01A, CITIC Building, Number 19, Jian Guo Men Wai Dajie, Beijing 100004, China)

ABSTRACT: To avoid the permutable model of protein, the 43 Table of Genetic Codes Given by F.H.C.Crick in 1969 is, in fact, one group of permutations versus the permutation elements in another group of permutations, which is a typical wrong application and a wrong calculation. According to the description form in the 43 Table of Triplet Codes, that one triplet code specifies an amino acid is in fact that three symbolized alphabets specifies a real molecule. For any experiments demonstrated the 64 Codons, Crick wrongly describes one group of the permutable reaction formulae ‘reactant permutations~product permutations’ by single permutable reaction formula ‘reactant permutation ~ a real molecule’, because there is no permutable model for chemical reaction formula in chemical tradition. For the application of 64 Codons, each step from DNA chain to mRNA chain, tRNA, ribosome, peptides, and to protein, has its specific permutable calculation model between chemical reactants and products, none of which has an objective permutable relationship with that in the 43 Table of Genetic Codes.

Key Words: The 43 Table of Genetic Codes; Wrong

前言

(批注:编者按:中国之科研,自始至终,总跟在外国研究之后,这固然有种种原因,但并不能因为这些原因而放弃我们自主创新的道路,在科学的道路上,从来都没有通过模仿、效仿而成功的,中国的科研要获得成功,要获得突破,必须有自己的思维!该文作者通过自己深入的思考、推演,对目前生物学的基石:遗传密码表提出了质疑,且不论其推演的正确与否,单就其精神而言,是值得我国科研工作者学习和重视的。)

目前公认的 Crick 4³ 遗传密码表回避了蛋白质分子的排列组合模型问题,根据氨基酸种类数 20 和 DNA 上碱基种类数 4 进行对四元素选三元素的排列组合计算建立“DNA~蛋白质”间的一一对应,本质上是排列组合应用中一组排列组合对应另一组排列组合的具体元素(不是其应用对象)。书写方式上,64 个排列组合对应 64 个氨基酸分子是空间顺序对应真实分子的逻辑错误。反应发生论证上,借用“遗传信息三联性”设想,把大量“核苷酸分子链~肽链”反应错误地拆解开描述为 64 种“三碱基顺序~氨基酸分子”形式,既没有反映肽链合成

的反应事实,也没有论证钻石形空穴密码子;应用过程中,自 DNA 到 mRNA 到 tRNA,到核糖体到肽链分离出,再没有一个步骤考虑并使用了排列组合计算。在生物遗传学的解释上,没有预先测定给定生命体的 DNA 碱基顺序及其蛋白质的氨基酸顺序并把两者作比较,就把 DNA 和密码表两者指导合成的多肽链的氨基酸顺序称为该生命体遗传得来的氨基酸顺序,并以此将密码表称为生命的元素周期律在一切生命体中通用,是不科学的。

本文指出,密码表没有如实反映“DNA~蛋白质”间的化学反应关系,不能称之为客观规律,更不能称之为遗传密码。密码表本身可能是一张普通的肽链合成技术表。

1 Crick 4³ 遗传密码表简介

1954 年 2 月,美国物理学家 Gamow 根据 Watson 和 Crick 发表的 DNA 双股螺旋结构,提出了腺嘌呤、鸟嘌呤、胞嘧啶和胸腺嘧啶等四种碱基可能就是密码子(钻石型空穴密码子)的最初构想^[1-3]。1955-1956 年, Gamow 陆续发表文章,从排列组合计算认为,1 种碱基对应 1 种氨基酸不够,2 种碱基的 16 种组合对应 20 种氨基酸也不够,4 种碱基的 256 种组合对应 20 种氨基酸太多,只有 3 种碱基组成 64 种组合对应 20 种氨基酸较合适^[1]。(批注:编者按:笔者正是从遗传密码表最初推导得出其弊端所在,一定是 3 种碱基对应 1 种氨基酸吗?会不会 2 个,或者 4 个对应

作者简介:杨星阳,(1971-),男,本科,助理工程师。

主要从事植物体与天然水流体两者相同或相似性比较研究。

通讯作者:杨星阳, E-mail: starsunyme@163.com

(收稿日期 2006-08-26 接受日期 2006-08-29)

1个氨基酸呢?自然界会以对等的方式,将每个氨基酸对应得碱基均分吗?有更加严格的证明方式吗?这是值得我们生命科学工作者不断钻研的课题之一,作者将把问题提出,希冀能够得到更多人的注意,加入到解决这一问题的大军中来。)1961年,Crick和Brenner提出遗传信息三联性的假说^[4]支持空穴密码子假说。1961年夏天,Nirenberg用碱基尿嘧啶指导合成出共聚苯丙氨酸^[5,6];Crick等人随即建议用“UUU 苯丙氨酸”形式表示该实验,以此拉开了肽链合成反应发生论证空穴密码子假说的序幕。到1966年,Gamow提出的“三维空间64种碱基排列组合在二维平面内简化为20种空穴密码子”与“二维平面中20种氨基酸无规则重复得到的64个分子”的对应关系被密码表形式的64种反应方程所代替。Crick在此基础上排出了mRNA上的4³遗传密码表(1969),如Table 1所示^[5-7]。

Table.1 The Genetic Code (遗传密码)

UUU 苯丙氨酸	UCU 丝氨酸	UAU 酪氨酸	UGU 半胱氨酸
UUC 苯丙氨酸	UCC 丝氨酸	UAC 酪氨酸	UGC 半胱氨酸
UCA 丝氨酸	UCA 丝氨酸	UAA 终止信号	UGA 终止信号
UUG 亮氨酸	UCG 丝氨酸	UAG 终止信号	UGG 色氨酸
CUU 亮氨酸	CCU 脯氨酸	CAU 组氨酸	CGU 精氨酸
CUC 亮氨酸	CCC 脯氨酸	CAC 组氨酸	CGC 精氨酸
CUA 亮氨酸	CCA 脯氨酸	CAA 谷氨酰胺	CGA 精氨酸
CUG 亮氨酸	CCG 脯氨酸	CAG 谷氨酰胺	CGG 精氨酸
AUU 异亮氨酸	ACU 苏氨酸	AAU 天冬酰胺	AGU 丝氨酸
AUC 异亮氨酸	ACC 苏氨酸	AAC 天冬酰胺	AGC 丝氨酸
AUA 异亮氨酸	ACA 苏氨酸	AAA 赖氨酸	AGA 精氨酸
AUG 甲硫氨酸	ACG 苏氨酸	AAG 赖氨酸	AGG 精氨酸
GUU 缬氨酸	GCU 丙氨酸	GAU 天冬氨酸	GGU 甘氨酸
GUC 缬氨酸	GCC 丙氨酸	GAC 天冬氨酸	GGC 甘氨酸
GUA 缬氨酸	GCA 丙氨酸	GAA 谷氨酸	GGA 甘氨酸
GUG 缬氨酸	GCG 丙氨酸	GAG 谷氨酸	GGG 甘氨酸

该表的生物遗传学解释^[8]是指:mRNA上的3个连续碱基特异地编码多肽链中的一个氨基酸分子,mRNA上的每个3连续碱基就是遗传密码子。mRNA上的核苷酸序列以此决定蛋白质中的氨基酸序列。这一现象在所有生命体中通用。所以,被有些学者称为生命科学上的元素周期表^[1,9]。国内外高校教材无一例外地使用了该表。Nirenberg、Khorana和Holley等人因此分获了1968年诺贝尔生理学 and 医学奖。目前,该表已成为国内外基因工程、细胞生物学、分子生物学、生物化学、生物遗传学等多个领域的核心内容之一。

2 密码表基本问题的提出

问题一:腺、鸟、胞、胸腺(尿)四种碱基分子通过排列组合对应甘、丝等20种氨基酸分子时,谁是该排列组合的应用对象?若是“氨基酸分子”,那么,“氨基酸分子”的排列组合模型是什么?Gamow和Crick在原始论文中都回避了这一问题^[12]。

问题二:对于A,G,C,T四个字母,既表示不同的化学成分,又表示不同的物理属性和化学属性,那么,这四个变量的排列组合计算值是个常数值吗?显然,不应该是一个常数值。比如,按照四个字母选三个字母进行排列组合数计算考虑时,其结果是64;按照四种不同反应物任选三种反应物进行化学反应的反应发生可能性考虑时,其生成物种类不一定是常数值64;或者将多个A,G,C,T四种物体串联起来成物体M(或线M)做单一的物理位移运动考虑时,物体M(或线M)在该位移

运动系统中的运动属性数也不一定是常数值64。

问题三:在具体应用中,各个排列组合(给定元素、规则所得到的排列组合,如由赵、钱、孙、李四个人排成的一个照相序列)与其应用对象(四人合影照片)之间是逻辑对等的关系,即排列组合此时就是应用对象,应用对象此时就是排列组合,排列组合计算的目的是说给定规则下有多少种应用对象存在。那么,密码表引用排列组合计算的目的是什么?它所表达的排列组合(64种碱基组合)与应用对象(20种氨基酸分子)间是什么样的关系?这是一个耐人寻味的问题。密码表用“化学反应发生的可能性”、“遗传决定作用”等非常模糊的非逻辑对等的术语来回答这个问题,显然,是不能令人满意的。(批注:编者按:作者在这里尖锐的指出了遗传密码表的疏漏之处,也许,遗传密码表假说真的是错误的,而找寻新的密码表,可能是解决目前人类所面临诸如烟草基因问题的根本途径。)

3 密码表的逻辑错误

密码表中,64种碱基三联体在4×4×4排列组合规则下以彼此顺序和种类的不同互相依存,共同表达三三组合或三三排列的顺序相关性和种类相关性;而20种氨基酸以化学组分,结构,性能等各方面的不同彼此独立存在,不表达任何顺序性和种类相关性(化学上蛋白质没有关于氨基酸的个数和种类的统一性要求,氨基酸没有关于碳、氢、氧、氮、硫的个数和种类的统一性要求)。密码子形式“XYZ某种氨基酸”的对应是典型的“顺序与非顺序”及“种类相关性与非种类相关性”的错误逻辑对应。比如:丝、苏、天冬氨酸、缬、谷氨酰胺、精氨酸等6种氨基酸因不受蛋白质分子的顺序性和种类相关性的制约而各自独立存在,而“AGC,ACG,GAC,GCA,CAG,CGA”等6种碱基三联体受4×4×4排列数模型下线性顺序的制约而互相依存,两者间的“XYZ某种氨基酸”关系,从顺序排列上看是“顺序性与非顺序性”的对应,从种类组合上看是“种类相关性”与“种类无关性”的对应,从密码子化学反应发生的结论上看是“有顺序的反应物与无顺序的生成物”的对应(用顺序性的条件论证了没有顺序的结果)。

4 密码表的数学错误

密码表由三个基本的函数关系构成,即DNA(mRNA)关于四种碱基的函数,蛋白质关于二十种氨基酸的函数,蛋白质关于DNA的函数。

4.1 “DNA(mRNA)~腺、鸟、胞、胸腺(尿)”函数表达的错误

从Watson Crick的DNA双股螺旋结构^[10]看,DNA关于四种核苷酸的函数是一个极其复杂的连续函数,不是密码表反映的关于四种核苷酸选三种的64种不同排列组合。从mRNA方面看,设mRNA单链为n个腺、鸟、胞、尿四种核苷酸交替相连或重复相连的序列结构,则其排列组合模型是4ⁿ,不是密码表反映的4³排列组合模型下64个排列组合中的任意多个首尾相连。

4.2 “蛋白质~甘、丙等20种氨基酸”函数表达的缺失

依照化学传统,我们把蛋白质分子以m个氨基酸单位的肽链存在形式称做氨基酸种类数20在平面内一维直线上m个位置中的排列组合y,则y=20^m。在密码表中,蛋白质不是以20种不同氨基酸的函数关系y=20^m的方式出现,而是以函数y=20^m的底常数20的“20个不同属性”形式出现。——这个奇怪的出现方式不表达蛋白质函数y的任何物属性!除此之外,密码表没有给出“蛋白质~20种不同氨基酸”任何函数关系。

4.3 “DNA~蛋白质”间关系表达的错误

设“DNA~蛋白质”关系是复变函数 $P:P=f(d)$, 从 DNA(mRNA) 和蛋白质各自的结构看, 函变量 P (由 20 种氨基酸组成的蛋白质) 是一个复杂的连续函数; 自变量 d (由四种碱基组成的 DNA) 也是一个复杂的连续函数, 从 DNA 到蛋白质的对应法则 f 只有保证自变量 d 和函变量 P 取值的连续性, 才能保证绘出的函数图像符合真实 DNA 和真实蛋白质的连续序列结构。而依据密码表所绘出的复变函数 $P=f(d)$ 的 P 值图像和 d 值图像都是典型的间隔函数, 与真实 DNA 关于碱基的序列的无间隔结构和真实蛋白质(肽链)关于氨基酸的无间隔结构都不相符合。

4.4 用四种碱基选三种的非应用性排列组合计算, 回答“四种碱基如何对应 20 种氨基酸”问题的错误

设化学分子式是物质分子关于原子种类与个数的排列组合模型, 根据数学上重复性排列组合数的规定^[11], 氨基酸分子式的原子种类与个数成为“四种碱基排列组合对应 20 种氨基酸”的排列组合规则, 碱基分子的原子个数与种类成为参加排列组合的元素, 计算得出的排列组合数与碱基和氨基酸的分子种类与个数无关。另外, 由矩阵与向量组的关系^[12]知, $N_3C_3H_5$ 、 $N_2C_3H_5O$ 、 $N_3C_3H_5O$ 、 $N_2C_3H_5O_2$ 可以分别看作 3 个 5 维向量、4 个 5 维向量、4 个 5 维向量和 4 个 6 维向量, 用矩阵的三三相加或三三相乘, 都无法从四种碱基选三种的计算中得出“64”的值。

5 各种已发生反应的化学实验无法得出 Crick 4³ 遗传密码表

5.1 “UUU 苯丙”、“CCC 脯”、“AAA 赖”、“GGG 甘”四个密码子结论的错误

以 Marshall Nirenberg (1961) 在无细胞蛋白质合成体系中加入多聚尿苷酸合成多聚苯丙氨酸为代表的直接合成实验^[5,13-16]为例: “多聚尿苷酸作用下离散的苯丙氨酸分子化学连接成多聚苯丙氨酸”的反应过程描述为“UU...UU → 苯丙—苯丙...苯丙—苯丙”即可; “UUU 苯丙氨酸”反应式既不表达苯丙氨酸共聚反应的发生, 也不表达序列“UU...UU”的碱基长度。事实上, “UUU 苯丙氨酸”写法是 Crick 遗传密码三联性假设对 Nirenberg 肽链合成实验的一种错误总结^[4,5,16]。另外, 单一元素的组合序列“UU...UU”、“CC...CC”、“AA...AA”和“GG...GG”在数学的序列上没有内联性, 外部因素引起的序列中的三连续字母的断裂不属于序列本身的结构问题。序列中每连续三个字母间的空间的一维性也与 DNA 双链上的每四碱基选三个所围空穴空间的多维性不同。所以, 该四类组合序列不适用于 Gamow 的空穴密码子构想和 Crick 遗传信息三联性假设。

5.2 “ACG 苏”、“GCA 丙”、“CAG 谷氨酰胺”等 24 个含三个不同碱基的密码子结论的错误

以 H. Gobind. Khorana (1964) 为代表, 用一定重复顺序的多核苷酸链“PQRQPQR”做模板, 导致“aa--aa--aa”肽链合成的实验^[5,9,13,17]为例: 反应物(核苷酸链)是 3 类物质 9 个分子关于 9 个位置的排列组合数模型 $9!/3!3!3!$ ^[11], 应该进行 1680 种不同组合顺序的实验和得出 1680 种结论, 不是“PQR”的 3 类物质 3 个分子关于 3 个位置的顺序排列数模型 $3!/1!1!1!$, 不应该是从 P 点、Q 点、R 点分别读起进行 3 种不同组合顺序的实验和得出 3 种结论。而生成物(肽链)是多类物质多个分子关于多个位置的顺序排列, 不是统一的 1 类物质的 1 个分子的非排列组合。Khorana 从第 1 个三碱基的三个位置分别读起, 实现了三条不同肽链的合成, 这一结果与密码表“碱基信息三

联性不交塔阅读”的生物学解释相矛盾。且“PQRQPQR”链中的碱基“三种性”混淆了 Crick 三联性假设中的“P1Q2R3P4Q5R6P7Q8R9”序列中的“碱基编号的三联性”。特别地, 链中的一 P—Q—R—、一 Q—R—P—、一 R—P—Q—是非独立碱基分子中的原子和功能基的排列, 密码表中的 PQR、QRP、RPQ 是按照 $4 \times 4 \times 4$ 的排列组合计算出现的独立的碱基分子水平上的排列, 两者所含元素的成分和功能完全不同, 不能互相论证。

5.3 “GGU 甘”、“GGC 甘”、“GGA 甘”等 36 个含有两个相同碱基的密码子结论的错误

Severo. Ochoa (1963) 用 U(0.76) 和 G(0.24) 的随机共聚体中 8 种三三组合的几率的比值与以之为模板所得不同氨基酸针对苯丙氨酸的质量上的比值做比较, 根据“高几率~多质量”原则测得的密码子结论^[9,13,18]与密码表的现状相矛盾。比如, 用 0.48 摩尔的 A、G、C、U 相应碱基做配定比率实验时, 64 种三三组合的几率都是 483, 不同三三组合的几率的比值都为 1, 而作为实验结果的密码表所显示的不同氨基酸分子间的比值则大不一样, 比如: “亮氨酸: 赖氨酸 = 6:2”, “精氨酸: 色氨酸 = 6:1”。那么, 究竟“亮氨酸(CUU): 赖氨酸(AAG)” = $48^3:48^3 = 6:2$ 同时, 配定比率的实验系统中, 各种组合间的几率比值是一个相对稳定值, 不因方法上增加或减少 1 个碱基几率的运算而改变; 各种氨基酸针对苯丙氨酸的质量比也是一个相对稳定值, 也不因方法上增加或减少 1 个碱基几率的运算而从该种氨基酸变成它种氨基酸。这与 Crick 遗传信息三联性实验^[4]的“增加或者减少 1 个碱基, 遗传结果的氨基酸种类发生改变”相矛盾。

设尿嘧啶 $U = \{Ua, Ub, Uc, Ud\}$, 鸟嘌呤 $G = \{Ga, Gb, Gc, Gd, Ge, Gf, Gg\}$, 其中, 子元素表示不同化学属性。则 2U1G 和 1U2G 分别表示 96 个不同属性的三三组合(如 Ua Ua Ga 等)和 144 个不同属性的 1U2G 组合(如 Ua Ga Ga 等); 另有缬氨酸 1、缬氨酸 2、半胱、甘、亮和色等 6 种不同氨基酸。那么, 因为缬氨酸 1、亮和半胱三者不具有 2U1G 组合的 96 个不同属性, 而缬氨酸 2、甘和色三者不具有 1U2G 组合的 144 个不同属性, 且 6 种不同氨基酸没有统一的“三点性”规则, 所以, 2U1G 和 1U2G 两种组合不能分辨出 6 种不同的氨基酸。比如: 密码表显示的 2U1G 组合和 1U2G 组合分辨到的“缬氨酸 1”与“缬氨酸 2”是同一种缬氨酸。

总的来看, 没有一例经典反应论证了“1 个氨基酸可以恰好放入到三碱基所围的该空穴而非其他三碱基所围的空穴中去”, 却借用 Gamow 的构想将所有反应结果都描述为 1 个氨基酸分子! 若将序列中的三连续碱基和各个氨基酸单位编号, 则反应式为“(PQR)1 (PQR)2... (PQR)n → aa1—aa2—...—aa n-1—aa n”, 那么, 实验结论的“PQR 在 n 个不同位置上的氨基酸相同, 没有顺序性”恰与“序列法的单个碱基在 DNA 和 mRNA 序列中有明显的顺序性”相矛盾! 就肽链合成事实看, “氨基酸”在不同实验体系和不同场合以化学的和数学的变量的形式出现, 可能是人为约定的肽链合成成功的主要原因。

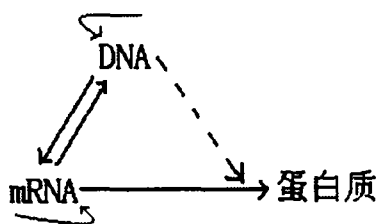
6 遗传信息三联性假设是虚拟的概念 (“皇帝的新装”)

设给定有限多个数学元素 M ($M \geq$ DNA 分子中的碱基的种类数 4), M 个元素分别带有 F 多个属性 ($F = 0, 1, 2, 3, \dots$, 总能够满足各个元素发生化学反应的需要), 从 M 中任选 N 个 (N 值总大于 DNA 分子的碱基个数) 分别进行有重复(或没有重复)的排列或组合, 得到 $S = M^N$ (或 $S = PNM$),

$S=CNM$, $S=CNM+N-1$)个不同的排列组合。考察这些排列组合发现,数学的集合、数列、线性方程组、三角函数、排列组合概念本身等一切可能的数学方法都无法找到所有这些序列的任意一个序列的驻点值。而且:1、DNA 碱基序列没有三三碱基断裂的结构特征;2、每个连续三碱基的组分和化学反应功能没有呈现关于某一属性的计数上的不同;3、除肽链合成外,找不到其他探测碱基序列内联性的方法;4、化学上没有用反应发生方式检查排列组合的内联性的习惯。5、mRNA、tRNA、核糖体 rRNA 上的 A 位点、各个氨基酸分子、各种氨基酸的功能基等所有从事生物信息传递的分子都没有该“遗传信息的三联性”。

7 对密码表的错误应用

密码表先是将 DNA 的 r 维空间几何体(螺旋结构)未经计算错误表达为相邻四碱基中的三个所围成的空穴;转录时,未经计算就用 mRNA 的 U 替换 DNA 的 T,将三碱基所围成的空穴错误表达为 mRNA 的 64 种三联体碱基;翻译时,还未经计算就将三联体碱基错误表达为 tRNA 上的氨基酸残基;肽链合成时,也未经计算就将氨基酸分子残基错误地放到了核糖体上的某个空间位置,就这样,把 DNA 分子的相邻三碱基所围的钻石形空穴套在了肽链的 1 个氨基酸分子上。其全部错误在于:用 DNA 的 4 种碱基到蛋白质的 20 种氨基酸的一步(个) $4 \times 4 \times 4$ 排列组合计算替代了实际应用中从 DNA 到肽链合成的多步(个)物理化学计算。如:密码表应用基础的“中心法则”(Crick, 1971)^{[1][2]}如下图所示:有着自身复杂的化学路径的函数模型,该模型完全背离密码表存在本身的四选三排列组合数模型。



8 大型演练与演示

沿用 Gamow 的空穴密码子、Crick 的遗传信息三线性假设、Nirenberg、Ochoa、Khorana 等人的思路和方法,把分子模型放大百万倍并赋予所需的化学反应属性,模拟各个经典反应发生过程,察看能否得出如密码表所示的各个密码子结论或构想。该活动可以分成密码子和密码表两大类进行:第一大类,密码子引以确立的几个经典化学反应发生实验和试验的演练与演示。第二大类,密码表 $4 \times 4 \times 4$ 数学结构确立的演练与演示。

举例:

1、DNA 信息流向 mRNA 到 rRNA 到肽链合成的演示:各选 6000、4000、2000 名六类不同的学生扮作腺、鸟、胞、胸、尿和假尿等各种碱基,并分别赋予相应的化学功能,按照 DNA、mRNA、tRNA 分子的一级结构形式站成学生序列;其中,“tRNA”学生序列的“副密码子”,“T Ψ C”,“CCA 核苷酸序列段”要明确;设立“rRNA”场所,划出“A”,“P”,“E”等区域。安排足够多名二十类不同的学生代表游离的氨基酸分子和反应所需的其他引物在演练场内游动。同时,演练场内设置细胞体系状的水流运动以指导各类学生的运动方向。规则:在水流方向指示下,DNA 学生序列的每相邻三个,经 mRNA 学生序列的三个,tRNA 分子学生序列,把场内游离的“氨基酸”学生有序地放置

到“核糖体”场所,排出一个有序的“氨基酸”学生序列。目的:考察“学生三联性假设”和 64 个密码子能否成立。

2、Gamow 的口袋密码子^[3]的演练与演示:选择甲(持长矛),乙(持长矛),丙(持坚盾),丁(持坚盾)4 国不同的士兵数千分两排按照“矛 $\rightarrow$ 矛”“盾 $\rightarrow$ 盾”对视站立,呈 DNA 结构形。另有三角形等 20 种具有 $2n+1$ 个角的多角器物数千。规则:把 20 种不同外形的器物依次放入每相邻四个士兵站立的“矛矛盾盾”四角空穴中去。结论:兵器属性和国别属性分别定义的四角空穴种类为 2×4 和 4×4 种,共同定义的四角空穴的种类有 6×4 种。根据多角器物种类 20 与国别属性空穴 4×4 以“矛矛”“盾盾”规则简化所得的种类 20 两者数值相等的思路,不能得出“3 国排序 XYZ $\rightarrow$ 1 种多角器物”的结论。

致谢:

北京中楚公司马育梅女士的支持,保证了笔者 2004 年 5 月到 7 月期间全身心地投入到该论文的整理和完善工作中去,在此表示感谢!

参考文献

- [1] 张文彦,支继军,张继光,等.自然科学大事典[M].北京:科学技术文献出版社,1992:548-549
- [2] Gamow G. Possible Relation between Deoxyribonucleic Acid and Protein Structures[J]. Nature, 1954,173:318
- [3] Gamow G. Possible mathematical relation between deoxyribonucleic acid and proteins [J]. Det Kongelige Danske Videnskabernes Selskab, Biologiske Meddelelser, 1954,22:1-13
- [4] Crick F H C, Barnett F R S L, Brenner S, et al. General Nature of the genetic code for proteins [J]. Nature, 1961,4809:1227-1232
- [5] [英] B.F.C. 克拉克 著,钟安环译,遗传密码[M].北京:科学出版社,1982:33-49
- [6] Crick F H C. The Origin of the Genetic Code [J]. J. Mol. Biol. 1968,38:367-379
- [7] Woese C R. The genetic code: the molecular basis for genetic expression[M]. Harper & Row Publishers, 1967:18-23
- [8] 徐晋麟,徐沁,陈淳编著.现代遗传学原理[M].第一版.北京:科学出版社,2001:372
- [9] [美] G.S. 斯坦特著.中科院遗传所译,分子遗传学[M].北京:科学出版社,1978:328-334
- [10] Watson I D, Crick F H C. Genetical implications of the structure of deoxyribonucleic acid [J]. Nature, 1953,171:964
- [11] 李淑霞.生物学中常用数学方法[M].青岛:青岛海洋大学出版社,1991:15-18
- [12] 同济大学数学教研室.线性代数[M].北京:高等教育出版社,1998:63
- [13] 吴庆余.基础生命科学[M].北京:高等教育出版社,2003:175-177
- [14] D.T. 铃木, A. J. F. 格里菲斯, R. C. 雷文廷 著,兰斌等译.遗传分析导论[M].西安:陕西人民教育出版社,1990:605
- [15] [美] Lubert Stryer 著,唐有祺、张惠珠、吴相钰等译校.生物化学[M].北京:北京大学出版社,1990:486-490
- [16] Nirenberg M W, Matthael J H. The dependence of cell-free protein synthesis in E.Coli upon naturally occurring or synthetic polynucleotides[J]. Proc. U.S. Nat. Acad. Sci., 1961,47: 1588
- [17] Khorana H G. Polynucleotide synthesis and the genetic code [J]. Federation Proceedings, 1965,24:1473-1487
- [18] Lengyel P, Speyer J F, Ochoa S. Synthetic polynucleotides and the amino acid code[J]. Biochemistry, 1961,47: 1936-1942
- [19] 韩貽仁主编.分子细胞生物学[M].第二版,北京:科学出版社,2002:420
- [20] 李振刚编著.分子遗传学[M].北京:科学出版社,2000:230-250