

Pewny strzał w ciemno

Piotr MARSZALIK*

* Student, Wydział Matematyki
i Informatyki, Uniwersytet Warszawski

Na pewien przedmiot zapisanych było 100 studentów. Po zakończeniu sesji miły wykładowca, będąc nierad z wyników uczestników kursu, chciał im dać jeszcze jedną szansę. Po opublikowaniu progu zaliczenia zaproponował im układ: *udostępni każdemu studentowi oceny całej grupy z pominięciem oceny zainteresowanego*. To znaczy, że każdy z uczniów będzie znał oceny pozostałych, a swojej nie. W następnej kolejności zostaną oni poproszeni o odpowiedź na bardzo proste pytanie:

CZY PAN(i) ZDAŁ(a)?

Jeśli odpowiedź *przynajmniej połowy* osób na to pytanie będzie prawidłowa, to wykładowca wstawi wszystkim zaliczenie. W przeciwnym wypadku... nikogo nie przepuści. Przed tym całym procederem studenci mają możliwość się naradzić, aby uzgodnić strategię. Pytanie brzmi: czy studenci mogą mieć pewność zaliczenia?

Okazuje się, że odpowiedź jest twierdząca. Na naradzie studenci dzielą się na dwie równoliczne grupy. Pierwsza połowa studentów zakłada, że liczba osób, które zaliczyły, była parzysta, a druga połowa studentów zakłada przeciwnie: że nieparzyście wiele spośród wszystkich osób zdało. Takie założenie o parzystości liczby tych, którzy zaliczyli, daje studentowi jednoznaczną informację o *jego własnym* zaliczeniu na podstawie wiedzy o zaliczeniach innych. Oczywiście jest, że któraś grupa ma rację, więc dokładnie połowa udzieli poprawnej odpowiedzi. To oznacza, że warunek prowadzącego będzie spełniony!

Znajomy tego prowadzącego usłyszał o tej sytuacji w uczelnianej stołówce i wpadł na jeszcze lepszy pomysł – swoim studentom (których miał całkiem sporo, bo aż *nieskończenie wielu*) zaproponował podobną, choć znacznie trudniejszą grę.

Powiedział, że *student o numerze k w dzienniku będzie miał dostęp do ocen osób o numerach $k + 1, k + 2, \dots$* , i znowu każdy zgaduje, czy zdał. Tylko że tym razem warunkiem zaliczenia jest to, że **pomyli się tylko skończenie wielu studentów**. Czyli prawie wszyscy muszą mieć rację, aby spełnić warunek prowadzącego, a jeśli im to nie wyjdzie, to wszyscy oblewają! Czy i tym razem istnieje strategia studentów, która może ich uratować? Czytelnicy, którzy chcieliby sami zmierzyć się z tym pytaniem, powinni zaprzestać lektury w tym miejscu.

Odpowiedź znowu jest pozytywna! Będziemy patrzeć na wyniki studentów jak na ciąg nieskończony, składający się z samych 0 (niezaliczone) i 1 (zaliczone), czyli pełna informacja o ich zaliczeniu to pewien element zbioru $\{0, 1\}^{\mathbb{N}}$.

Zacznijmy od uzasadnienia tego, że jeśli dwa takie ciągi różnią się tylko na skończonej liczbie indeksów, to dowolna strategia studentów da przy tych ciągach taki sam efekt. Rzeczywiście, od momentu, w którym ciągi te się pokrywają, studenci będą widzieli „to samo”, będą zatem udzielać w obu przypadkach tych samych – w równym stopniu poprawnych – odpowiedzi. Z punktu widzenia studentów dwa takie ciągi są zatem równie dobre – będziemy pisać *równoważne*. W ten sposób dzielimy cały zbiór $\{0, 1\}^{\mathbb{N}}$ na tzw. *klasy równoważności*, w ramach których wszystkie jego elementy są równoważne (a między którymi nie są).

Podczas narady studenci wybierają dokładnie jednego reprezentanta z każdej klasy równoważności. Dla przykładu, z klasy ciągów, które od pewnego momentu są równe zero, mogli wybrać reprezentanta będącego ciągiem samych zer.

Przy odpowiedzi na pytanie prowadzącego każdy student porównuje widziany przez siebie fragment ciągu ze zbiorem reprezentantów i próbuje znaleźć takiego, który na tym fragmencie „pasuje” – tzn. różni się tylko w skończonej

W ogólności, gdyby n studentów miało odgadnąć swoją dokładną ocenę, mogącą przyjąć k możliwych wartości, mogliby analogiczną strategią zagwarantować prawidłowość co najmniej $\lfloor n/k \rfloor$ odpowiedzi. Polecamy zastanowić się, dlaczego liczby tej nie można zwiększyć (odpowiedź na str. 18). W szczególności, gdyby w oryginalnym zadaniu ($k = 2$) było nieparzyście wielu studentów, to nie mogliby oni zagwarantować spełnienia warunku prowadzącego.

Symbol $\{0, 1\}^{\mathbb{N}}$ oznacza zbiór wszystkich funkcji ze zbioru liczb naturalnych $\mathbb{N}$ w zbiór $\{0, 1\}$, czyli właśnie zbiór wszystkich ciągów o wartościach 0 lub 1.

Czytelnik Wykształcony w Teorii Mnogości może dostrzec, że strategia studentów ma pewien słaby punkt – zakłada bowiem prawdziwość *aksjomatu wyboru*. Jako ciekawostkę dodam, że usłyszałem o tym zadaniu od dwóch prowadzących zajęcia: jeden podał ją po prostu jako trudną zagadkę, drugi zaś jako argument za absurdalnością przyjmowania wspomnianego aksjomatu.

liczbie miejsc. Uda mu się znaleźć takiego reprezentanta, bo ciąg, który widzi (z dokładnością do skończenia wielu elementów, których nie widzi) należy do którejś klasy, czyli różni się od jej reprezentanta na skończenie wielu indeksach. Następnie student udziela takiej odpowiedzi, jaka przypadła mu w znalezionym reprezentancie.

O powodzeniu strategii decyduje to, że wszyscy studenci, niezależnie od swojego numeru w dzienniku, znajdą tego samego reprezentanta! To dlatego, że każdy widzi ten sam „ogon” prawdziwego ciągu – a inni reprezentanci są w innych klasach, czyli różnią się od tego ciągu w nieskończenie wielu miejscach. Widać teraz, że odpowiedzi studentów odtworzą owego reprezentanta, znajdowanego przez każdego z nich. A skoro cały ciąg jest w klasie równoważności wybranego przez wszystkich reprezentanta, to **tylko skończenie wielu studentów się pomyli** (na tych miejscach, na których te ciągi się różnią). Reszta zgadnie poprawnie. I voilà – warunek wykładowcy zostaje spełniony, studenci zaliczają!



Mała, a całkiem ważna

Podwójna helisa DNA. Częsteczką – celebrytką, elegantką. Pojawia się jako ikona odkryć naukowych, w tym „tajemnicy życia”. Tymczasem okazuje się, że aby odkryć tę tajemnicę, należy spojrzeć na jej ubogą krewną, częsteczkę RNA.

Zanim pójdę dalej, pozwólmy sobie na krótkie porównanie tych dwóch związków. RNA i DNA to biopolimery, długie cząsteczki zbudowane z mniejszych jednostek zwanych nukleotydami. Każdy nukleotyd zawiera cukier, grupę fosforanową i zasadę azotową. Są nośnikami informacji zakodowanej w sekwencji następujących po sobie 4 typów nukleotydów.

Słynna helisa to forma, którą przyjmuje DNA, kwas deoksyrybonukleinowy. Częsteczka DNA jest dwuniciowa, nici pasują do siebie, bowiem między nukleotydami jednej i drugiej tworzą się w poprzek wiązania wodorowe. Stąd częste porównanie helisy do skręconej drabiny. W cząsteczkach DNA, w jądrze, zapisane są informacje niezbędne do działania komórki. DNA w sposób precyzyjny jest powielany przed podziałem komórkowym, przez co jego kopie trafiają do komórek potomnych. Częsteczki RNA, kwasu rybonukleinowego, są krótkie i istnieje ich wiele typów. Działają w służbie odczytywania informacji zapisanej w DNA – biorą udział w syntezie białek i służą regulacji, które geny (i jak intensywnie) są odczytywane.

I tu tkwi fenomen cząsteczek RNA. Są krótsze i potrafią związać się same ze sobą w dwuniciowe i jednoniciowe domeny, które, oddziałując między sobą, tworzą struktury trójwymiarowe. Każda cząsteczka RNA (a są to dziesiątki tysięcy unikalnych sekwencji w komórkach ssaków) przybiera swój, charakterystyczny kształt. Przy nich długie cząsteczki DNA są po prostu, z całym szacunkiem, nudne.

Fenomen RNA uznał już w latach 60. XX wieku sam Francis Crick, odkrywca ikonicznej podwójnej helisy. Uważał, że to RNA, a nie DNA i białka, mógł być pierwotnym związkiem podstaw życia. Wówczas hipoteza ta nie była poparta żadnymi dowodami i trzeba było czekać 20 lat, żeby takie dowody znaleźć.

W latach osiemdziesiątych wciąż uważano, że funkcje enzymów, cząsteczek katalizujących reakcje chemiczne w komórkach pełnią białka. Dyskusja, co było przed pojawieniem się komórek żywych, była zatem trudna: jak przeskoczyć z zupy pływających różnych cząsteczek do niezwykle złożonego systemu, gdzie białka niezbędne do metabolizmu komórkowego syntetyzowane są na podstawie informacji zapisanych w długich cząsteczkach DNA w kilkustopniowym i złożonym procesie. Taki system nie mógł powstać losowo.

