

조합적방법에 의한 한가지 항등식의 증명

우 승 식

위대한 령도자 김정일동지께서는 다음과 같이 교시하시였다.

《수학은 모든 자연과학의 기초로 될뿐아니라 사회현상을 연구하는데서도 중요한 수단으로 됩니다.》(《김정일선집》증보판 제10권 478페이지)

계수조합에서의 조합항등식을 리용하여 유한모임에서 일정한 성질을 만족시키는 대상들의 개수를 닫힌공식으로 평가하는 문제는 화학, 생물학 등 여러 분야에서 리론실천적으로 수많이 제기되는 썬세기조합의 중요한 분야이다.

이 논문에서는 뿌리가진 나무의 개수평가방법으로 구조생물학에서의 RNA2차구조의 개수를 평가하면서 동시에 그것을 리용하여 한가지 조합항등식을 증명하는 방법을 제기하였다.

조합항등식을 증명하는 방법들가운데서 가장 많이 쓰이는것은 생성함수법, 리오단렬법, 우로의 1:1방법, 조합적방법 등이다.

선행연구[1]에서는 여러가지 방법으로 많은 조합항등식들을 증명하였는데 그중의 하나는

$$\sum_{k=0}^{m/2} (-1)^k \binom{m-k}{k} \binom{2m-2k}{p-k} = 2^m$$

이다. 선행연구[2]에서는 엔즈항등식과 그라함-크누드-파타쉬니크항등식의 간단한 증명을 주었다. 선행연구[3]에서는 4가지 조합항등식을 도미노렬법으로 증명하였다. 그러나 조합항등식

$$\sum_{p=1}^{\lfloor n/3 \rfloor} \binom{k}{p-1} \binom{k}{p} \binom{n-p}{2k} = \binom{n-k}{k+1} \binom{n-k-1}{k-1}$$

을 제기하고 증명하지는 못하였다.

선행연구[4]에서는 블록나무들의 모임과 작은 나무들의 수림들의 모임사이의 우로의 1:1넘기기를 주었다. 선행연구[5]에서는 $\{1, 2, \dots, n\}$ 우에서의 k 개의 뿌리를 가진 뿌리가진 수림들의 개수와 $k+1$ 개의 뿌리를 가진 뿌리가진 수림들의 개수사이 간단한 선행재귀관계들을 주었다.

몇가지 개념들을 보자.

뿌리가진 나무에서 자식이 적어도 하나 있는 정점을 내부정점, 하나도 없는 정점을 잎이라고 부른다. 매 내부정점의 자식들이 순서가 정해져있는 뿌리가진 나무를 순서있는 뿌리가진 나무라고 부른다.

높이가 1인 뿌리가진 나무를 작은 나무라고 부른다.

뿌리가진 나무에서 어떤 내부정점 v 를 뿌리로 가지는 부분나무가 작은 나무로 될 때 이 부분나무를 단순부분나무라고 부른다. 순서있는 뿌리가진나무 T 에서 어떤 내부정점 v 에 대하여 그것의 자식정점들중 내부정점이 꼭 하나로서 그것이 v 의 자식들중 제일 오른쪽 혹은 제일 왼쪽에 있을 때 v 를 뿌리로 가지는 부분나무를 T 의 불룩부분나무,

그렇지 않으면 내부부분나무라고 부른다. 또한 어떤 내부정점 v 에 대하여 그것의 자식 정점들중 내부정점이 둘이상 있으면 v 를 뿌리로 가지는 부분나무를 T 의 다중부분나무라고 부른다.

수학적으로 리보핵산2차구조의 개념과 그 요소들을 구체적으로 정의하면 다음과 같다. RNA열 $a_1a_2\cdots a_n$ 이 주어졌다고 하자. 즉 RNA열은 자모 $\Sigma = \{A, U, G, C\}$ 우에서의 기호열이다.

염기들의 쌍 $(x, y) = \{A, U\}$ 혹은 $(x, y) = \{G, C\}$ 를 염기쌍이라고 부른다. 이때 이 염기들은 쌍지은 염기라고 부르며 그렇지 않은 염기들은 쌍짓지 않은 염기들이라고 부른다. 쌍 $\{U, G\}$ 는 염기쌍으로 취급되지 않는다.

첨수들의 쌍들의 모임

$$M = \{(i, j) | 1 \leq i < j \leq n, (a_i, a_j) \text{는 염기쌍}\}$$

에서 서로 다른 어느 두 쌍 $(a_i, a_j), (a_h, a_k)$ 도 $i \leq h \leq j \leq k$ 를 만족시키지 않으면 M 을 RNA2차구조(가상대입이 없는)라고 부른다.

염기쌍 (i, j) 에 대하여

$$((i, j), (i+1, j-1), \dots, (i+(\sigma-1), j-(\sigma-1)))$$

을 만족시키는 《평행》호들의 최대렬을 길이 σ 인 사다리, σ -사다리라고 부르고 $S_{i,j}^\sigma$ 로 표시한다.

RNA2차구조에서 쌍 $((i, j), [i+1, j-1])$ 을 머리핀고리라고 부른다. 여기서 (i, j) 는 호이고 $[i, j]$ 는 구간 즉 련이어있는 쌍짓지 않은 염기(고립염기)들 $(i, i+1, \dots, j-1, j)$ 을 의미한다. 이 고립염기들의 개수를 머리핀고리의 길이라고 부른다.

내부고리는 4개의 부분으로 된 쌍 $((i_1, j_1), [i_1+1, i_2-1], (i_2, j_2), [j_2+1, j_1-1])$ 이다. 여기서 (i_2, j_2) 는 (i_1, j_1) 에 축차 즉 $i_1 < i_2 < j_2 < j_1$ 이다.

블록고리는 $((i_1, j_1), [i_1+1, i_2-1], (i_2, j_1-1))$ 혹은 $((i_1, j_1), [i_1+1, i_2], (i_2+1, j_1-1))$ 형태의 세가지 쌍을 말한다.

다중고리는 다음과 같은 형태의 여러 쌍을 말한다. 여기서 $h \geq 3$ 이다.

$$((i_1, j_h), [i_1+1, \omega_1-1], (\omega_1, \tau_1), [\tau_1+1, \omega_2-1], (\omega_2, \tau_2), \dots, (\omega_n, \tau_h), [\tau_h+1, j_1-1])$$

RNA2차구조에서 쌍짓지 않은 염기들을 고립염기들이라고 부른다. 특히 머리핀고리, 내부고리, 블록고리와 다중고리들중 그 어디에도 들어있지 않는 쌍짓지 않은 염기들을 외부고립염기라고 부른다.

염기쌍 (i, j) 에 대하여 $(i-1, j+1)$ 은 염기쌍이 아닐 때

$$i < i+1 < i+2 < \dots < j-1 < j$$

인 염기(정점)들 $i, i+1, i+2, \dots, j-1, j$ 에 의하여 사다리, 머리핀고리, 내부고리, 블록고리, 다중고리들이 형성된다고 하자.

이때 염기(정점)들 $i, i+1, i+2, \dots, j-1, j$ 에 의해 이루어진 사다리, 머리핀고리, 내부고리, 블록고리, 다중고리전부로 이루어진 구조를 염기쌍 (i, j) 에 의해 축차된 부분구조라고 부르며 염기쌍 (i, j) 를 말단염기쌍이라고 부른다.

그리고 염기들 $i+1, i+2, \dots, j-1$ 에 의해 이루어진 염기쌍(호)들은 말단염기쌍 (i, j) 에 의하여 축차되었다고 말한다. 그 어떤 말단염기쌍에 의해서도 축차되지 않는 말단염기쌍을 기본말단염기쌍이라고 부른다.

론문에서는 선행연구[4]에서 준 우로의 1 : 1 넘기기를 리용하여 구조생물학에서의 염기개수와 염기쌍개수가 주어진 경우에 RNA2차구조의 개수를 평가하면서 동시에 한가지 조합항등식

$$\sum_{p=1}^{\lfloor n/3 \rfloor} \binom{k}{p-1} \binom{k}{p} \binom{n-p}{2k} = \binom{n-k}{k+1} \binom{n-k-1}{k-1}$$

을 증명하는 방법을 제기하였다.

보조정리[4] k 개의 내부정점을 가진 $n(n > 1)$ -정점우에서의 표식불은 뿌리가진 나무들의 모임과 1부터 n 까지사이의 표식이 붙은 뿌리를 가진 $\{1, 2, \dots, n+k-1\}$ 우에서 k 개의 작은 나무들로 된 수림들의 모임사이에는 우로의 1 : 1 넘기기가 존재한다.

정리 1 $k+1$ 개의 내부정점, p 개의 단순부분나무를 가진 $[n-k+1]$ 우에서의 순서있는 표식불은 뿌리가진 나무의 개수는 다음과 같다.

$$\begin{cases} (n+1)!, & k=0 \\ \frac{(n-k+1)!}{k} \binom{k}{p-1} \binom{k}{p} \binom{n-p}{2k}, & k \geq 1 \end{cases} \quad (1)$$

정리 2 $k+1$ 개의 내부정점을 가진 $[n-k+1]$ 우에서의 순서있는 표식불은 뿌리가진 나무의 개수는 다음과 같다.

$$(n-k)! \binom{n-k+1}{k+1} \binom{n-k-1}{k} \quad (2)$$

RNA열 $a_1 a_2 \dots a_n$ 에 기초한 RNA2차구조에 순서있는 뿌리가진 나무를 1:1 대응시킬 수 있다.[6]

그러면 n 개의 염기와 k 개의 염기쌍들로 된 RNA2차구조에는 $n-k+1$ 개의 정점을 가진 순서있는 뿌리가진 나무 T 가 대응된다.

이로부터 다음의 정리가 성립한다.

정리 3 길이가 n 인 뉴클레오티드열 $a_1 a_2 \dots a_n$ 에 기초한 RNA2차구조로서 염기쌍개수가 k , 머리원고리개수가 p 인 가능한 리보핵산2차구조의 개수는 다음과 같다.

$$\begin{cases} 1, & k=0 \\ \frac{1}{k} \binom{k}{p-1} \binom{k}{p} \binom{n-p}{2k}, & k \geq 1 \end{cases} \quad (3)$$

정리 4 길이가 n 인 뉴클레오티드열 $a_1 a_2 \dots a_n$ 에 기초한 RNA2차구조로서 염기쌍개수가 k 인 가능한 리보핵산2차구조의 개수는 다음과 같다.

$$\frac{1}{k} \binom{n-k}{k+1} \binom{n-k-1}{k-1} \quad (4)$$

정리 5 임의의 자연수 $n \geq 3$ 과 임의의 $k \leq n-1$ 에 대하여 다음의 조합항등식이 성립한다.

$$\sum_{p=1}^{\lfloor n/3 \rfloor} \binom{k}{p-1} \binom{k}{p} \binom{n-p}{2k} = \binom{n-k}{k+1} \binom{n-k-1}{k-1}$$

증명 길이가 n 인 뉴클레오티드열 $a_1 a_2 \dots a_n$ 에 기초한 RNA2차구조로서 염기쌍개수가 k 인 가능한 리보핵산2차구조의 개수는 길이가 n 인 뉴클레오티드열 $a_1 a_2 \dots a_n$ 에 기초한

RNA2차구조로서 엮기쌍개수가 k , 머리핀고리개수가 p 인 가능한 리보핵산2차구조의 개수의 p 에 관한 합으로 볼수 있다.

그런데 머리핀고리를 구성하려면 적어도 3개의 엮기가 있어야 하므로 p 는 기껏 $\lfloor n/3 \rfloor$ 을 넘을수 없다. 따라서 정리 3, 4에 의하여

$$\sum_{p=1}^{\lfloor n/2 \rfloor} \frac{1}{k} \binom{k}{p-1} \binom{k}{p} \binom{n-p}{2k} = \frac{1}{k} \binom{n-k}{k+1} \binom{n-k-1}{k-1}$$

$$\sum_{p=1}^{\lfloor n/2 \rfloor} \binom{k}{p-1} \binom{k}{p} \binom{n-p}{2k} = \binom{n-k}{k+1} \binom{n-k-1}{k-1}$$

(증명 끝)

참 고 문 헌

- [1] John Riordan; Combinatorial Identities, Krieger Publishing Company, 1~256, 1979.
- [2] V. J. W. Guo; Appl. Anal. Discrete Math., 5, 201, 2011.
- [3] Mark Shattuck; Elec. J. Combi. Num. Theo., 6, A35, 1, 2006.
- [4] W. Y. C. Chen; Proc. Natl. Acad. Sci., 87, 9635, 1999.
- [5] S. Guo et al.; Discrete Math., 340, 695, 2017.
- [6] C. Reidys; Combinatorial Computational Biology of RNA, Springer, 1~257, 2011.

주체108(2019)년 12월 15일 원고접수

Proof for One Combinatorial Identity by the Combinatorial Method

U Sung Sik

In this paper, we enumerate the total number of RNA secondary structures with n bases and k base pairs using the ordered rooted tree.

And, we give the proof for one combinatorial identity using these enumerations.

Keywords: combinatorial identity, ordered rooted tree, RNA secondary structure