Leibniz-Online
5/2009

www.leibniz-sozietaet.de/journal
ISSN 1863-3285

Günter Kröber

Strukturbildung durch Palindromisierung

(Vortrag im Plenum der Leibniz-Sozietät am 9. Oktober 2008)

Sehr geehrter Herr Präsident, meine Damen und Herren,
liebe Kolleginnen und Kollegen,

es ist mir eine Ehre, dem Plenum der Mitglieder Leibniz-Sozietät darüber berichten zu dürfen, auf welche Kuriositäten sich meine Interessen in den letzten Jahren konzentriert haben. Diejenigen von Ihnen, die noch aus der Akademie der Wissenschaften der DDR kommen, kennen mich als den, der aus dem Institut mit dem langen Namen kommt: Theorie, Geschichte und Organisation der Wissenschaft. Nach der Abwicklung dieses Instituts – wie auch der gesamten Akademie – im Prozess der deutschen Wiedervereinigung waren die Bedingungen für die Weiterführung der Arbeiten auf diesem Gebiet – weder die finanziellen, noch die materiell-technischen und personellen – nicht mehr gegeben. Mit dem Abstieg in die Arbeitslosigkeit und den verordneten vorzeitigen Ruhestand mochte ich mich jedoch, wie viele andere meiner Institutskolleginnen und -kollegen, nicht damit abfinden, auch aus der wissenschaftlichen Arbeit überhaupt aussteigen zu sollen. Ich kehrte damals zu meiner Jugendliebe zurück, zur Mathematik, mit der ich in den frühen 50er Jahren mein Studium in Jena begonnen hatte.

Der Gegenstand, der mich bereits gegen Ende der 80er Jahre zu faszinieren begann, war die wenige Jahre zuvor von Benoit Mandelbrot entdeckte und heute nach ihm benannte mathematische Struktur, die auch unter dem bürgerlichen Namen „Apfelmännchen“ bekannt ist. Mit einem für damalige Verhältnisse fortgeschrittenen Computer der 386er Klasse durchforstete ich das Innere der Mandelbrot-Menge. Daraus entstand das zweibändige „Märchen vom Apfelmännchen“, das im Jahre 2000 bei Rowohlt erschien, und in dem die abenteuerliche Reise des Computers Alex durch das malumitische Universum, eben das Innere der Mandelbrot-Menge, beschrieben ist. Die Märchenform war das eine; das andere war, dass sie mir Gelegenheit bot, einige Besonderheiten der in dieser Menge vorkommenden Strukturen zu beschreiben, denen bis dato noch kein allgemeines Interesse gegolten hatte, wie z. B. die Fibonacci-Anordnung der am inneren Rand der Menge aufsitzenden Mini-Apfelmännchen, oder die Primzahlabhängigkeit ihres Entstehungsprozesses.

Der zweite Gegenstand, der mein Interesse fesselte, waren die Palindrome, die Zahlenpalindrome. Geweckt worden war dieses Interesse durch einen kleinen Artikel in der Zeitschrift „Bild der Wissenschaft“ über das merkwürdige Verhalten der natürlichen Zahl 196, welches sich zeigt, wenn man sie umkehrt, sie zu ihrer Umkehrung addiert und diese Operation immer in der gleichen Weise weiter führt.[1] Was es damit auf sich hat, davon wird im Einzelnen noch zu reden sein. Aus dem Nachdenken über Palindrome hat sich mir im Laufe der Jahre ein ganz neues Gebiet erschlos-

[1] Vgl.: Hemme, Heinrich: Palindrome. In: Bild der Wissenschaft. Juni1 1990. S. 131.

sen, die Palindromik. Ich freue mich, ihnen heute einiges von dem vortragen zu dürfen, was ich dabei gefunden habe, und Ihnen zugleich einige Fragen vorstellen zu können, die sich bei dieser Gelegenheit ergeben.

Der Schwerpunkt meiner Ausführungen wird auf der Beschreibung der bei Palindromisierung entstehenden Strukturtypen liegen. Aber bis dahin lassen sie mich als Einstieg die Frage wählen, wo überall es Palindrome gibt.

1. Wo überall es Palindrome gibt.

Palindrome werden gemeinhin als ein sprachliches Phänomen angesehen. Ein sprachliches Palindrom ist ein Wort oder ein ganzer Satz, die, wenn man sie statt von links nach rechts von rechts nach links liest, gleich lauten oder zumindest eine Bedeutung behalten. Abb. 1 zeigt einige Beispiele solcher Palindrome.

RENTNER

Reliefpfeiler Lagerregal

Ein Neger mit Gazelle zagt im Regen nie

O Genie der Herr ehre dein Ego

Ein Esel lese nie

Madam I'm Adam

Able was I ere I saw Elba

A man a plan a canal – Panama

NATO OTAN

S A T O R
A R E P O
T E N E T
O P E R A
R O T A S

Leg in eine so helle Hose nie'n Igel

Die liebe Tote! Beileid

Abb. 1

Palindromisch angeordnet können jedoch auch die Elemente anderer Strukturen sein, wie z. B. die Noten in der Partitur eines Musikstückes. In Abb. 2 ist als Beispiel die Partitur eines Krebskanons

aus dem “Musikalischen Opfer“ von Johann Sebastian Bach wiedergegeben.

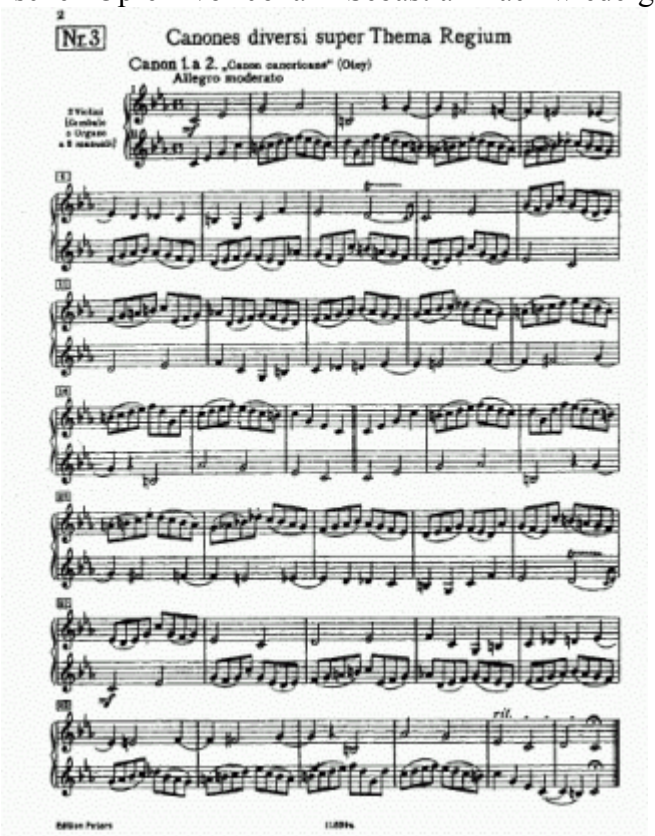


Abb. 2

Auch in der Malerei und Grafik sind Palindrome zu Hause. Ich erinnere z. B. an diejenigen Grafiken von Maurits Escher, die er mit „Symmetrie“ überschrieben hat und von denen Abb. 3 eine zeigt.

Abb. 3

Wesentlich interessanter als solche künstlichen Gebilde sind aber Palindromstrukturen, die der Natur eigen sind. Ich denke hier vor allem an die DNS, die das Vererbungsgeschehen in Organismen regelt. Sie enthält – neben anderen, von denen noch zu reden sein wird – auch palindromisch strukturierte Abschnitte, in denen die vier Basen Adenin (A), Cytosin (C), Guanin (G) und Thymin (T)

spiegelsymmetrisch angeordnet sind, wodurch Palindromstrukturen möglich werden. Solche Bereiche dienen als Erkennungsstellen für bestimmte Enzyme, welche den betreffenden DNS-Strang in eben diesem Palindrombereich spalten. Abb. 4 zeigt einige Beispiele solcher Palindromstrukturen und die Restriktionsschnittstellen für verschiedene Enzyme und Herkunftsorganismen.

Enzym	Herkunfts-organismus	Palindromstruktur und Restriktionsschnittstelle
AluI	Arthrobacter lutens	↓ - A - G - C - T - - T - C - G - A - ↑
BalI	Brevibacterium albidum	↓ - T - G - G - C - C - A - - A - C - C - G - G - T - ↑
BamHI	Bacillus amybolique faciens H	↓ - G - G - A - T - C - C - - C - C - T - A - G - G - ↑
BglII	B. globigii	↓ - A - G - A - T - C - T - - T - C - T - A - G - A - ↑
EcoRI	Escherichia coli	↓ - G - A - A - T - T - C - - C - T - T - A - A - G - ↑
EcoRII	Escherichia coli	↓ - G - C - C - T - G - G - C - - C - G - G - A - C - C - G - ↑
HaeIII	Haemophilus aegyptus	↓ - G - G - C - C - - C - C - G - G - ↑
HindII	Haemophilus influenzae	↓ - G - T - Py - Pu - A - C - - C - A - Pu - Py - T - G - ↑ (Py steht für Pyrimidin, Pu für Purin)
HindIII	Haemophilus influenzae	↓ - A - A - G - C - T - T - - T - T - C - G - A - A – ↑
HpaI	Haemophilus parainfluenzae	↓ - G - T - T - A - A - C - - C - A - A - T - T - G - ↑
HpaII	Haemophilus parainfluenzae	↓ - C - C - G - G - - G - G - C - C - ↑
		↓ Spaltenwechsel
Pst	Providencia stuartii	- C - T - G - C - A - G - - G - A - C - G - T - C - ↑
SmaI	Serratia marcescens	↓ - C - C - C - G - G - G - - G - G - G - C - C - C - ↑

Abb.4

Im Folgenden soll jedoch nicht von Palindromen allgemein, sondern von Zahlenpalindromen die

Rede sein.

2. Anzahl und Dichteverteilung der Palindrome auf der Zahlengeraden

Ein Zahlenpalindrom ist eine endliche Sequenz ganzer Zahlen, die symmetrisch aufgebaut ist und sich nicht ändert, wenn sie in umgekehrter Reihenfolge geschrieben wird. Palindrome sind also z. B. die natürlichen Zahlen 121 oder 123454321. Allgemein gesagt ist ein Zahlenpalindrom eine Sequenz ganzer positiver Zahlen $\alpha = \{\alpha(0), \alpha(1), \alpha(2), \ldots, \alpha(n)\}$ zu einer Basis b und der Länge (n + 1), in der $\alpha(i) = \alpha(n - i)$ für 0 P i P n ist.

Man kann nun fragen, wieviel solcher Zahlenpalindrome es eigentlich gibt und wie dicht sie auf den Zahlengeraden liegen. Ich will diese Frage nur kurz streifen, um Ihnen zu zeigen, welche Merkwürdigkeiten auftreten, sobald man sich der Antworten versichert.

Wir fragen zunächst nach der Anzahl $P(b_n)$ der n-stelligen Palindrome zur Basis b. Sie beträgt, wenn n eine ungerade Zahl ist:

$$P(b_n) = b^{(n-1)/2} x (b - 1),$$

wie sich leicht nachprüfen lässt. Beim Übergang der Stellenzahl n zu (n +1) bleibt die Anzahl der Palindrome gleich. Addiert man die einzelnen Werte bis zu den n-stelligen Zahlen, so erhält man z. B. für die natürlichen Zahlen zur Basis b die folgenden Werte, die bis n = 13 in Tabelle 1 zusammengestellt sind.

b = 10	9	99	189	**1089**	1989	**10989**	$19_2 89$	$\mathbf{109_2 89}$	$19_3 89$	$\mathbf{109_3 89}$	$19_4 89$	$\mathbf{109_4 89}$
	n = 2	n = 3	n = 4	n = 5	n = 6	n = 7	n = 8	n = 9	n = 10	n = 11	n = 12	n = 13

Tabelle 1

In dieser Tabelle fällt auf, dass ab n = 5 die Zahlen die Gestalt

10 9r 89 für ungerade n
und 1 9r 89 für gerade n haben.

Fragt man nach der prozentualen Dichteverteilung der Palindrome in dem gesamten Abschnitt bis zu Zahlen der Stellenanzahl n, also nach

$$\langle = \subset P(b_{n,n+1}) x 100 / \subset N(b_n),$$

wobei $\subset N(b_n)$ die Anzahl der Zahlen überhaupt bis zu n ist, so erhält man für die natürlichen Zahlen die folgende Tabelle 2:

n	$\langle(b_n)\%$
2	10
3	10
4	1,89 89 ...
5	1,089 089 ...
6	0,19890 19890 ...
7	0,109890 109890 ...
8	0,0 1998900 1998900 ...
9	0,0 10998900 10998900
10	0,00 199989000 199989000 ...
11	0.00 1099989000 1099989000 ...
12	0,000 19999890000 19999890000 ...
13	0,000 109999890000 109999890000 ...

Tabelle 2

Man sieht sofort, dass die einzelnen Werte für $\langle(b_n)\%$, beginnend mit n = 4, periodische Dezimalbrüche sind. Die Perioden haben eine überaus übersichtliche Struktur. Sie zeigen die Gestalt

$10\ 9_r\ 89\ 0_r$ für ungerade n
und $1\ 9r\ 89\ 0r$ für gerade n,
bei r = 0, 1. 2. ... .

Beachten sie bitte, dass die Struktur der Perioden der Dezimalbrüche die gleiche ist wie die der Anzahl der Palindrome im gesamten Abschnitt bis zu den n-stelligen inclusive. Das spricht für eine besondere Rolle, welche die Sequenz $10\ 9_r\ 89\ 0_r$ in der Palindromik spielt. Setzt man in ihr r = 0 und wählt ein beliebiges a < b, dann nimmt diese Sequenz die Gestalt

$$\mathbf{a(\ a - 1)(\ b - a - 1)(b - a)}$$

an. Auf diese vierstellige Sequenz trifft man in der Palindromik immer wieder. Um das zu verdeutlichen und zugleich den Übergang zum nächsten Abschnitt, in dem es um Palindromisierungs***prozesse*** gehen wird, vorzubereiten, seien die Perioden der prozentualen Dichteverteilung zentriert untereinander arrangiert. Man erhält folgendes Bild

1 89
0 89
19 89 0
10 9 89 0
1 99 89 00
10 99 89 00
1 999 89 000
10 999 89 000
1 9999 89 0000
10 9999 89 0000
1 99999 89 00000
10 99999 89 00000
1 999999 89 000000 usw.

Betrachtet man nur gerade n,
so erhält man :

1 89
1 9 89 0
1 99 89 00
1 999 89 000
1 9999 89 0000
1 99999 89 00000 usw.

und für die ungeraden n:

0 89
10 9 89 0
10 99 89 00
10 999 89 000
10 9999 89 0000
10 99999 89 00000 usw.

Wir werden diesen Strukturen im Weiteren auf Schritt und Tritt begegnen.

3. Palindromisierungsprozesse

a) Palindromisierungsverhalten

Ein ***Palindromisierungsprozess*** ist eine Operation, bei der eine Zahl umgekehrt, also von rechts nach links geschrieben wird, und Ausgangs- und Umkehrzahl durch Addition oder Subtraktion miteinander verknüpft werden. Beispiel für den additiven Modus: 69 + 96 = 165. Mit dem Ergebnis wird sodann in der gleichen Weise verfahren: 165 + 561 = 726. Und in immer dergleichen Weise geht der Prozess weiter.

Es ist nun keineswegs so, dass dabei jede Zahl ihre eigenen Wege geht, also ein ganz individuelles Verhalten zeigt. Vielmehr kann man beobachten, dass manche Zahlen in ihren Ergebnissen gleichsam aufeinander zugehen und, nachdem sie sich getroffen haben, den weiteren Weg gemeinsam gehen. Das einfachste Beispiel eines solchen gleichen Palindromisierungsverhaltens ist das folgende:

```
                    20        40        80        97
                     |         |         |         |
10  …   11  … 22  …    44  …    88  …    176  …
                                              ÷
                                              79
```

Wir sagen deshalb: Alle diese Zahlen zeigen das gleiche ***Palindromisierungsverhalten***. Dieser Begriff des Palindromisierungsverhaltens ist eng verbunden mit dem der palindromischen Ordnung einer Zahl.

b) Palindromische Ordnungen

Damit hat es folgende Bewandtnis. Im Palindromisierungsprozess einer Zahl kann es vorkommen, dass im Ergebnis auch einmal ein Palindrom erscheint. Die Anzahl der Schritte, die benötigt werden, damit eine Zahl bei additiver Palindromisierung ein Palindrom hervorbringt, heißt die ***palindromische Ordnung*** dieser Zahl.

In dem soeben angeführten Beispiel gleichen Palindromisierungsverhaltens führen alle Zahlen außer der 97 schon nach dem ersten Schritt auf ein Palindrom; sie haben deshalb alle die palindromische Ordnung 1. Die Palindrome selbst haben die Ordnung Null. Die höchste palindromische Ordnung unter den zweistelligen natürlichen Zahlen kommt der 89 und der 98 zu; sie beträgt 24.

Eine viel diskutierte Frage ist, ob jede Zahl nach endlich vielen Schritten auf ein Palindrom führt. Diese Frage beschäftigt die Mathematiker etwa seit den 30er Jahren des 20. Jahrhunderts. Es zeigt sich nämlich, dass z. B. die natürliche Zahl 196 auf kein Palindrom zu führen scheint, so viele Schritte man auch ausführt. Niemand konnte bisher beweisen, dass die 196 auf kein Palindrom führen kann, und niemand konnte auch beweisen, dass sie – und sei es drei Schritte vor der Unendlichkeit – doch noch ein Palindrom zeugt.

Ist man in einem Palindromisierungsprozess bei einem Palindrom angekommen, muß man bei ihm mitnichten stehenbleiben. Auch das Palindrom selbst kann ja wieder (additiv) palindromisiert werden. Vielleicht trifft man nach einer bestimmten Anzahl von Schritten auf ein weiteres Palindrom, und dann vielleicht auf noch eines usw.

Die 96, die wir oben betrachtet haben, führt nach 4, 17 und 26 Schritten auf ein Palindrom, die 94 nach 2 und nach 25 Schritten.

Immer aber gibt es im Leben einer Zahl irgendwann ein letztes Palindrom, das sich wie die 196 verhält, d. h. nach dem man auf kein Palindrom mehr trifft. Ab diesem Palindrom geht die Zahl sozusagen den Weg in die palindromische Ungewissheit. Solche letzten Palindrome sind gewissermaßen Tore, jenseits derer die palindromische Ungewißheit herrscht.

Da es für die zweistelligen natürlichen Zahlen fünf Typen des Palindromisierungsverhaltens gibt, sind ihnen auch fünf solcher Torpalindrome gegeben:

Tore in die palindromische Ungewißheit

1. **678 736 545 637 876**

2. **47 33 78 77 87 33 74**

3. **88 132 000 231 88**

4. **36 545 63**

5. **4998 525 8994**

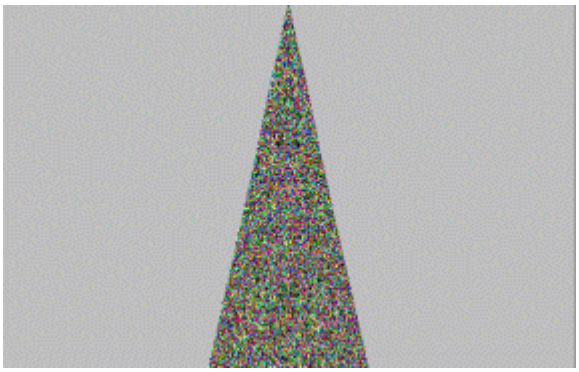
Damit komme ich zum nächsten Abschnitt, zum additiven Modus, und damit zu dem, was im Titel meines Vortrages angekündigt ist: Strukturbildung durch Palindromisierung.

4. Der additive Modus

Im additiven Modus ist als Verknüpfungsoperation von Zahl und Umkehrzahl nur die Addition zugelassen. Die Strukturen, nach denen wir fragen, treten dann zutage, wenn wir die Ergebnisse zentriert untereinander anschreiben. Um sie besser sichtbar zu machen, ordnen wir den einzelnen Ziffern Farben zu: Die Null soll als schwarzer Pixel erscheinen, die Eins als weißer, die Zwei als roter usw.

Die Frage ist, ob im additiven Modus Strukturbildung überhaupt möglich ist. Das Beispiel der 196 lässt ja erwarten, dass bei additiver Palindromisierung kaum damit zu rechnen ist, dass sich irgendwelche geordneten, vielleicht auch irgendwie symmetrische Muster herausbilden, wenn wir die Ergebnisse zentriert untereinander anordnen.

Tatsächlich bringt die 196 nur ein total chaotisches Pixelgemisch zustande, wie in Abb. 5 und dem vergrößerten Ausschnitt daraus zu sehen ist. Mehr noch: Jede andere natürliche Zahl endet bei additiver Palindromisierung ebenfalls im Chaos.



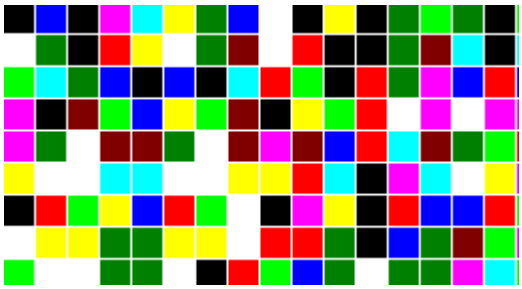


Abb. 5

Doch ist dies nicht die einzige allgemeingültige Aussage, die im additiven Modus möglich ist.

Der Verlauf eines Palindromisierungsprozesses hängt ja nicht allein von der Startzahl und dem Modus ab, sondern auch von der Basis des Zahlensystems, in dem die Startzahl gegeben ist. Die natürlichen Zahlen sind solche zur Basis b = 10. Die binären Zahlen, die in der Computertechnik eine Rolle spielen, sind solche zur Basis b = 2, in der es nur die Null und die Eins gibt.

Es sind also drei Bedingungen nötig, um einen Palindromisierungsprozeß zu starten: Die Startzahl S_0, die Basis b und der Modus m. Für die bildliche Darstellung eines solchen Prozesses benötigt man noch eine andere Größe: die Zykluslänge Z_l. Sie zeigt an, nach wieviel Schritten ein Ergebnis angeschrieben werden soll. Im Falle der 196 in Abb. 5 wurde jedes Ergebnis angeschrieben; die Zykluslänge ist dort also gleich Eins. Wir könnten auch sagen: Die Zykluslänge ist dort gleich der Moduslänge: $Z_l = m_l$. Wir hätten genau so gut auch nur jedes zweite oder jedes zehnte oder jedes hundertste Ergebnis anschreiben können. Die Figur würde dadurch nur gestaucht und breiter werden.

Die Frage ist, wie gesagt, ob im additiven Modus Strukturbildung überhaupt möglich ist oder ob wir es im Ergebnis von additiven Palindromisierungsprozessen nur mit Chaos zu tun haben, wie im Falle der natürlichen Zahlen.

Es zeigt sich, dass dies ganz wesentlich von der Basis abhängt. Für eine bestimmte Art von Basen treten bei additiver Palindromisierung periodische Muster auf. Es sind dies Basen der Gestalt $b = 2^n$, also die Potenzen von Zwei.

Nehmen wir als Beispiel b = 4 und $S_0 = 1023$; die Zykluslänge sei $Z_l = 1$, d. h. wir schreiben jedes Ergebnis an. Dann erhalten wir im 14. Schritt:

S_{14}:	**$10\ 3_4\ \ 23\ \ 0_5$**. Und weiter:
S_{15}:	$11\ 0_3\ \ 312\ 3_3\ 01$
S_{16}:	$22\ 0_3\ \ 131\ 3_3\ 12$
S_{17}:	$10\ 3_5\ \ 23\ \ 0_5$
S_{18}:	$11\ 0_3\ 3222\ 3_3\ 01$
S_{19}:	$22\ 0_3\ 2111\ 3_3\ 12$
S_{20}:	**$10\ 3_5\ \ 23\ \ 0_6$**.

Vergleicht man S_{14} und S_{20} miteinander, dann ist sichtbar, dass zu S_{14} lediglich eine Drei und eine Null hinzugekommen sind, während die 10 am Anfang und die 23 in der Mitte identisch reproduziert wurden. Das geht nun immer so weiter. Nach jeweils sechs Schritten kommen eine Drei und eine Null hinzu, während 10 und 23 identisch reproduziert werden. Wir drücken das so aus: Die Startzahl $S_0 = 1023$ führt in Basis b = 4 in eine Periode der Länge l = 6, in der sie sich identisch und periodisch um e = 2 erweitert reproduziert.

Ausgehend von diesem Beispiel lässt sich der allgemeine Satz beweisen:

Für Basen der Gestalt $b = 2^n$, wobei n = 1, 2, 3, ... ist,
erzeugt die Startzahl $S_0 = 10\ (b-1)_r\ (b-2)(b-1)\ 0_r$, in der r = 0, 1, 2, ... ist,
eine Periode der Länge l = 2(n + 1), in der sie sich um e = 2 erweitert reproduziert.

Und noch ein zweiter Satz gilt im additiven Modus:

Für Basen der Gestalt $b = 2^n + m$, wobei n = 1, 2, 3, ..., und m = 0, 1, 2, ..., $2^n - 1$ sind,
hat die Sequenz a (a – 1)(b – a - 1)(b – a) die palindromische Ordnung $p(S_0) = n + 1$.[2]

Dieser zweite Satz, ist deshalb interessant, weil er besagt, dass die palindromische Ordnung der Sequenz a(a – 1)(b – a – 1)(b – a) zwischen jeweils zwei Potenzen von Zwei konstant ist (vgl. Tabelle 3).

[2] Vgl.: Kröber, Karl Günter: Ein Esel lese nie. Mathematik der Palindrome. Rowohlt. Reinbek 200. S. 47 – 50.

b	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
p	2	2	3	3	3	3	4	4	4	4	4	4	4	4	5

17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32
5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	6

Tabelle 3

Man könnte dieses Phänomen, dass die palindromische Ordnung über mehrere Basen hinweg konstant bleibt und dann auf den nächsthöheren Wert springt, vielleicht vergleichen mit den Energieniveaus der Elektronenschalen, die den Atomkern umgeben. Dort finden wir etwas Ähnliches. Die erste, dem Kern am nächsten gelegene Schale kann maximal 2 Elektronen aufnehmen, das nächste Energieniveau bis zu 8, d. h., das dritte, vierte usw. bis achte Elektron befinden sich auf demselben Energieniveau. In der n-ten Schale können sich maximal $2n^2$ Elektronen befinden. Ist eine Schale voll besetzt, erfolgt der Sprung in die nächsthöhere Schale.

Soviel zum additiven Modus.

5. Der subtraktive Modus

Im subtraktiven Modus geht es ganz anders zu als im additiven. Während der additive Modus zum Chaos tendiert und nur für eine bestimmte Gruppe von Basen zu Perioden führt, nämlich nur für Basen der Gestalt $b = 2^n$, führen im subtraktiven Modus alle Basen, außer denen der Gestalt $b = 2^n$, auf Perioden. Auf welche Perioden, das kann man einem ganzen Periodensystem für die Sequenz $a(a – 1)(b – a – 1)(b – a)$ entnehmen, das man auf Grund von vier Sätzen über das Verhalten dieser Sequenz im subtraktiven Modus aufstellen kann. Diese vier Sätze sind:

1. ***Für geradzahlige Basen der Gestalt***

$$b = 2^n xm,$$

wobei m eine ungerade Zahl ist, bringt die Startzahl $S_0 = a(a–1)(b–a–1)(b–a)$ in (n – 1) Schritten das Palindrom

$$b/2(b/2 – 1)_2 b/2$$

hervor, wobei a = m ist.[3]

Für $b = 12 = 2^2x3$ bringt also bei a = 3 die Startzahl $S_0 = 3289$ in ***einem*** Schritt das Palindrom 6556 hervor.

2. ***Basen der Gestalt***

$$b = 2^n \Gamma 1$$

erzeugen bei subtraktiver Palindromisierung der Startzahl $S_0 = 10(b–2)(b-1)$ Eigenperioden der Länge

$$l_E = n.$$[4]

Eigenperioden sind solche, die für a = 1 zustande kommen.

---

[3] Vgl.: Kröber, K. Günter: Palindrome, Perioden und Chaoten. Verlag Harri Deutsch. Thun – Frankfurt/M. 1997. S. 205.

[4] Vgl.: Ebenda. S. 208.

Ist z. B. $b = 9 = 2^3 + 1$, dann ist $S_0 = 1078$, $S_1 = 7612$, $S_2 = 5434$ und S_3 ist wieder gleich 1078.

Ist hingegen $b = 7 = 2^3 - 1$, so wird $S_0 = 1056$, $S_1 = 5412$, $S_2 = 3234$ und S_3 wieder gleich 1056.

3. ***Die Länge l_E der Eigenperiode einer Primzahlbasis b_{prim} ist gleich ihrer Gesamtlänge L (l_E = L), wenn L selbst eine Primzahl ist.***[5]

Unter der Gesamtlänge L einer Basis wird die Länge (b – 1)/2 verstanden.

Ist z. B. b = 11, dann ist L = 5, also ein Primzahl, so dass $S_0 = 109(10)$ eine Eigenperiode der Länge $l_E = 5$ erzeugt.

4. ***Satz von der Wandlung der Eigenperioden von Primfaktoren in Teilperioden ihres Produkts***.[6]

Dieser Satz besagt, dass bei einer Basis b, deren Primfaktoren $a_i, ..., a_k$ sind, die Eigenperi - oden der Primfaktoren zugleich Teilperioden von b sind.

Ist z. B. b = 15, dann ist wegen $15 = 2^4 - 1$ nach Satz 2 $l_E(15) = 4$, während wegen 15 = 3x5 die Eigenperioden der Primfaktoren die Länge $l(3) = l(2 + 1) = 1$ und $l(5) = l(2^2 + 1) = 2$ haben. Die Summe der Längen ergibt die Gesamtlänge L = 4 + 1 + 2 = 7.

Die Perioden nun, zu denen man im subtraktiven Modus gelangt, sind immer derart, dass nach einer bestimmten Anzahl von Schritten immer die gleiche Sequenz erscheint, der Prozess also zu sich selbst zurück kehrt. Ich nenne solche Strukturen deshalb „Kreisläufer“. Ein Kreisläufer kann aus unifarbenen vertikalen Linien bestehen, aber auch ein mehr oder weniger komplexes Muster periodisch reproduzieren.

Abb. 6 zeigt je ein Beispiel dieser beiden Möglichkeiten.

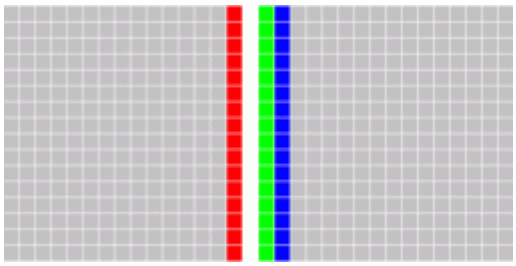


Abb. 6a: b = 6

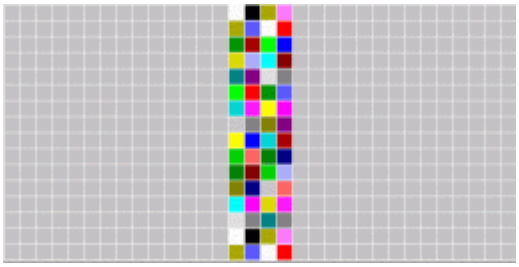


Abb. 6b: b = 29

Über den subtraktiven Modus wäre noch vieles andere zu sagen. Ich will es bei dem Hinweis auf die vier Sätze und die Kreisläufer belassen und gehe zum kombinierten Modus über.

[5] Vgl.: Ebenda. S. 218.
[6] Vgl.: Ebenda. S. 216.

6. Der kombinierte Modus. Strukturtypen.

Bei allen interessanten Ergebnissen, die man im additiven und im subtraktiven Modus finden kann, ist es doch der kombinierte Modus, der das eigentlich Neuartige zutage fördert, welches die Strukturbildung durch Palindromisierung ausmacht.

Im kombinierten Modus ist es immer eine ganz bestimmte Abfolge von Additionen und Subtraktionen, nach der palindromisiert wird. Der Modus $m = a_1s_2a_3s_3(9)$ z. B. soll bedeuten, dass die Ausgangszahl einmal zu ihrer Umkehrzahl addiert werden soll, sodann folgen nach entsprechenden Umkehrungen zwei Subtraktionen, dann wieder drei Additionen und schließlich drei Subtraktionen. Hinter der Folge von Additionen und Subtraktionen wird in Klammern die Moduslänge m_l angegeben.

Im kombinierten Modus begegnet man den unterschiedlichsten Strukturen, von extrem einfachen, die nur aus unifarbenen vertikalen Linien bestehen, also Kreisläufern, bis zu wahren Exoten. Nach meinen bisherigen Untersuchungen glaube ich sagen zu können, dass es drei Strukturtypen sind, mit denen wir es in der Palindromik vorwiegend zu tun haben und die unser Interesse verdienen. Es sind dies 1. Perioden, 2. Similaritäten und 3. Fraktale. Natürlich gibt es neben ihnen auch Chaos und die verschiedensten Mischtypen, auch Abstürze in die Null sind möglich, aber die Grundtypen dürften mit den genannten drei wohl erschöpft sein.

6.1. Strukturtyp PER

Strukturen des Typs Periode (PER) sind durchgängig wie folgt aufgebaut (Abb. 7a - 7d): Im Zentrum befindet sich ein **Kern** {C}, der periodisch und identisch reproduziert wird. Er ist links und rechts umgeben von ein- oder mehrstelligen, sich in der Zeile wiederholenden Sequenzen $[R_s]$ und $[R_d]$, die ebenfalls periodisch und identisch reproduziert werden, deren Anzahl sich aber von Periode zu Periode um einen bestimmten Betrag ***e*** erhöht; wir sprechen von einer um ***e*** erweiterten Reproduktion der **repetitiven Sequenzen**, wie wir diesen Bestandteil des Typs PER nennen wollen. Die erweiterte Reproduktion der repetitiven Sequenzen bewirkt, dass die entstehenden Strukturen im Verlaufe des Prozesses immer breiter werden.

Schließlich sind für den Typ PER noch sog. Origin- und Termination-Sequenzen, kurz: **OT-Sequenzen,** kennzeichnend, die in der Regel als mehrzeilige Muster am Beginn der repetitiven Sequenzen stehen bzw. dieselben abschließen; sie bilden gleichsam eine Art Außenhaut, eine Schale, die das ganze Gebilde von seiner Außenwelt abgrenzt.

Strukturtyp PER
(b = 15, m = $s_4a_6s_3a_6s_9(28)$, $Z_l = m_l$)

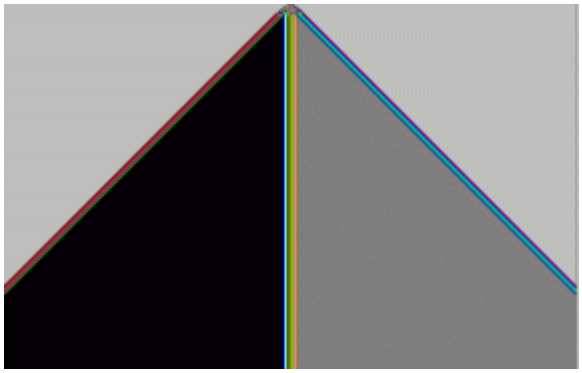


Abb. 7a: Gesamtansicht

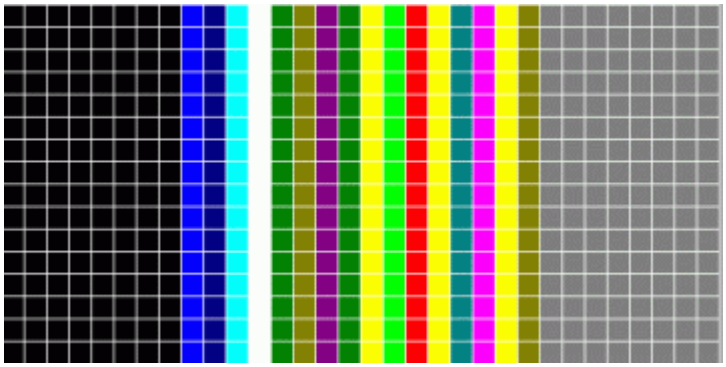


Abb. 7b: 16-stelliger Kern mit linken (0) und rechten (b – 1) repetitiven Sequenzen

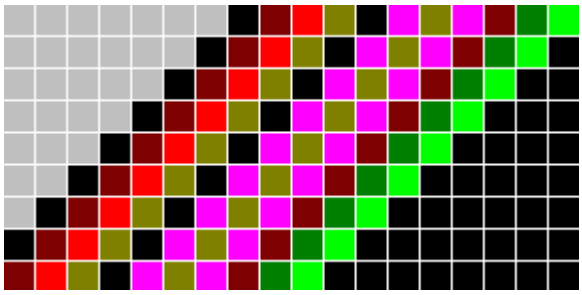


Abb. 7c: 11- stellige O- Sequenzen

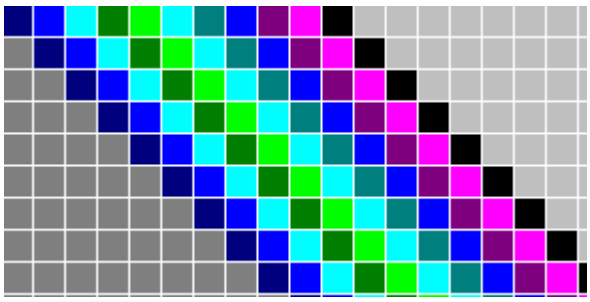


Abb. 7d: 11- stellige T-Sequenzen

Sie werden bemerkt haben, dass diese Terminologie sich an die in der Molekulargenetik bekannte anlehnt. Das ist keineswegs zufällig, denn hier wie da haben wir es mit den gleichen Sachverhalten zu tun: Auf einem DNS – Strang befindet sich im Zentrum ein genetisch aktiver Abschnitt, der von Zelle zu Zelle oder von Organismus zu Organismus identisch übertragen wird. Er ist umgeben von repetitiven Sequenzen, die niedrig-, mittel- oder hochrepetitiv sein können, und das alles wird durch spezielle Anfangs- und Endsequenzen begrenzt.

Das ist natürlich eine rein strukturelle Ähnlichkeit, die nichts über eine etwaige funktionelle Ähnlichkeit aussagt. Dass es dabei aber nicht bleibt, darüber wird noch zu reden sein.

Diese Grundstruktur des Typs PER - O[R_s]{C}[R_d]T – erscheint nun in vielen Varianten und Gestalten. Einige von ihnen sind die folgenden.

Abb. 8 zeigt ein einigermaßen komplex gestaltete Kernmuster in Basis b = 11. Es ist links umgeben von Nullen und rechts von (b – 1) - Sequenzen . Zu sehen sind links und rechts die Außenhäute aus OT – Sequenzen.

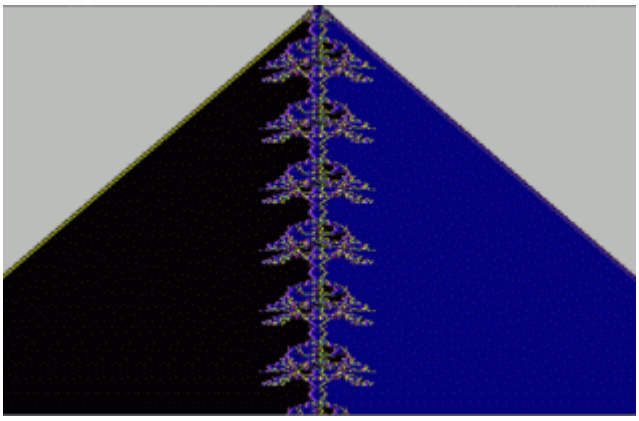


Abb. 8

Eine schier unerschöpfliche Vielfalt an Kernmustern wird ergänzt durch eine nicht minder große Vielfalt repetitiver Sequenzen. Abb. 9 präsentiert z. B. mehrstellige vertikale repetitive Sequenzen. In Abb. 10 hingegen bilden sie ein horizontales Muster.

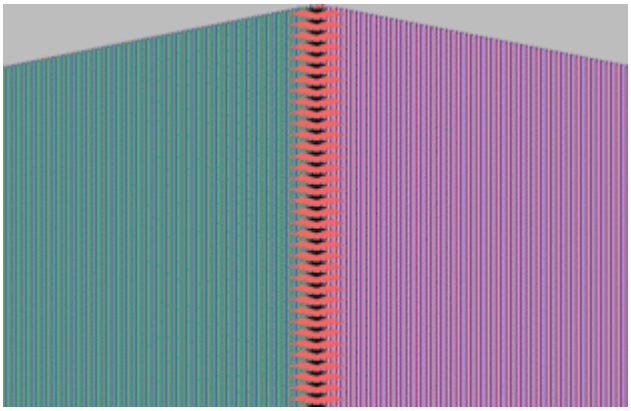


Abb. 9

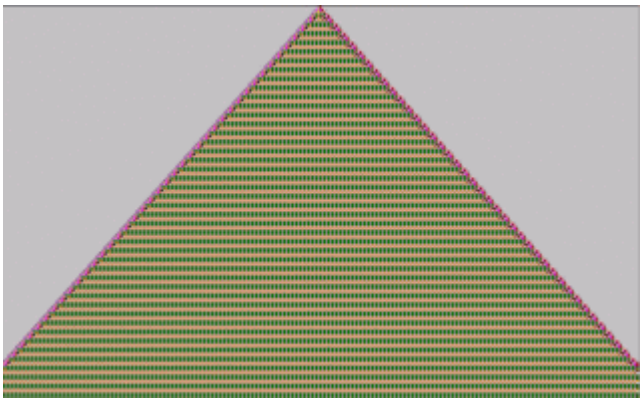


Abb. 10

Auch schräge repetitive Sequenzen sind möglich, wie Abb. 11 zeigt. Besonders interessant ist Abb.

12, die relativ großflächige Sechsecke als repetitive Sequenzen aufweist.

Abb. 11

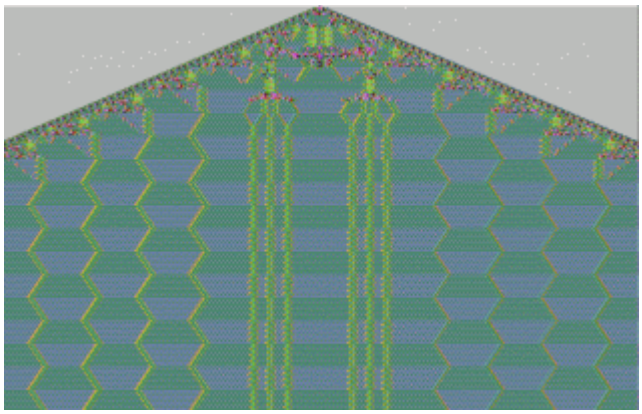


Abb. 12

Doch muss es nicht immer nur eine einzige Art repetitiver Sequenzen sein, die ein Kernmuster umgibt. Abb. 13 belegt, dass ein Kern sogar von drei verschiedenen Arten repetitiver Sequenzen eingeschlossen sein kann.

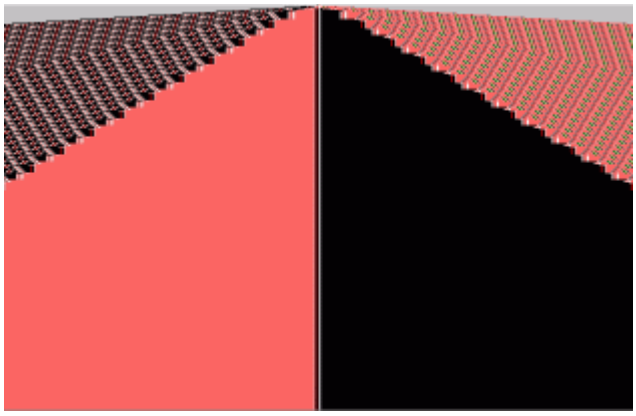


Abb. 13

In der Regel treten die repetitiven Sequenzen links und rechts vom Kern in komplementärer Form auf. Das bedeutet, dass sie der Beziehung

$$a \neg (b - a - 1)$$

genügen. Wenn die eine Seite aus Nullen besteht, findet man auf der anderen Seite vom Kern nur (b – 1)- Sequenzen. Seltener sind Fälle, in denen der Kern von einem Kontinuum, bestehend aus nur einer einzigen Art repetitiver Sequenzen umgeben ist. Abb. 14 zeigt einen solchen Fall, in dem ein Kern in einem Kontinuum existiert, das nur aus Nullen besteht.

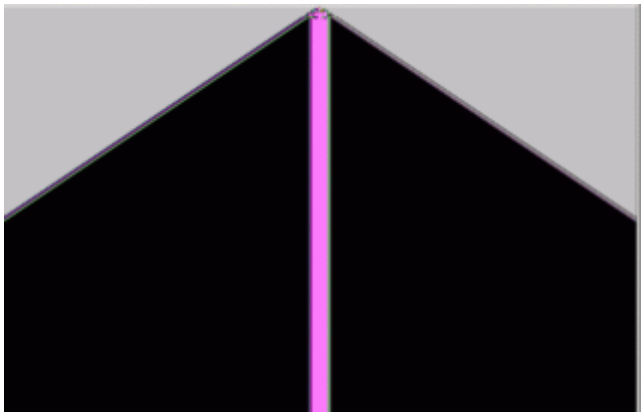


Abb. 14

Die Kerne selbst reproduzieren sich in der Regel periodisch und identisch in vertikaler Richtung, also gewissermaßen in der Zeit. Doch sind auch Fälle bekannt, in denen sie das Feld der repetitiven Sequenzen schräg durchlaufen, was einer raum-zeitlichen Reproduktion entspräche. Abb. 15 präsentiert zwei solcher schrägen Kerne, zwischen denen sich ein Nullkontinuum ausbreitet, während links und rechts von ihnen sich Sequenzen befinden, die komplementär zueinander sind.

Ein Sonderfall des Typs PER besteht darin, dass ein Kern überhaupt nicht sichtbar ist und die OT-Sequenzen entweder ein Null- oder ein (b – 1)- Kontinuum umschließen. Den Fall des Nullkontinuums zeigt Abb. 16.

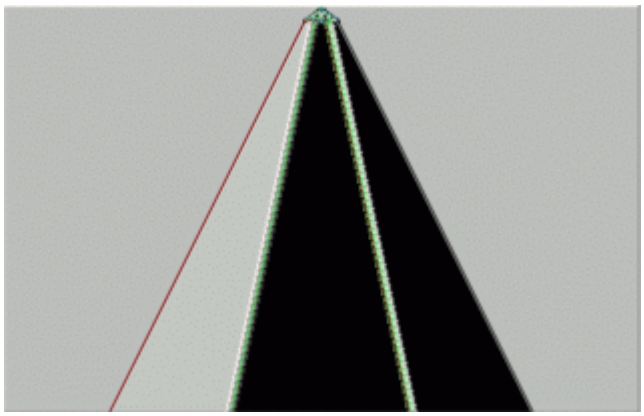


Abb. 15

Abb. 16

Ein interessantes Phänomen sind auch die Gitterstrukturen. Abb. 17 zeigt eine mit großflächiger Struktur, Abb. 18a eine mehr netzartige mit feinmaschiger Struktur.

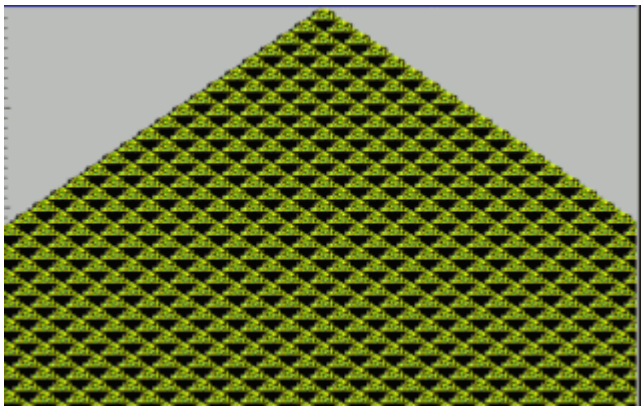


Abb. 17

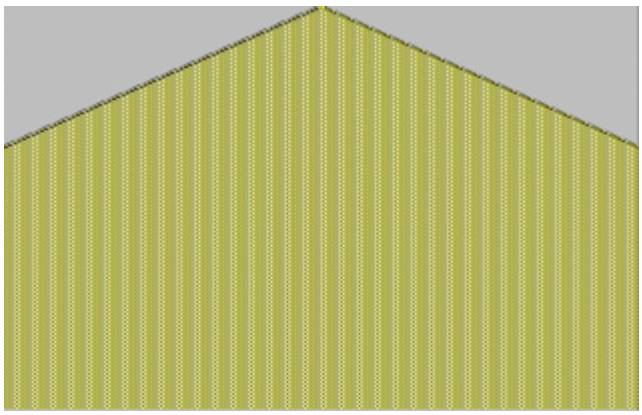


Abb. 18a

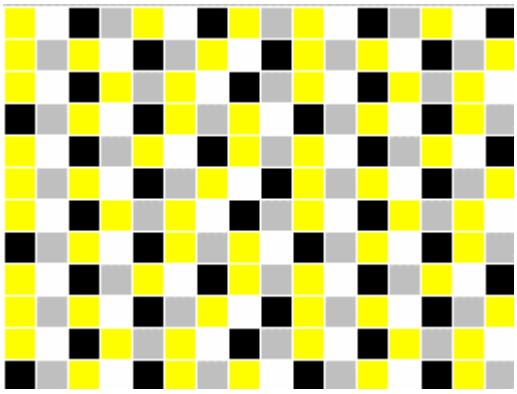
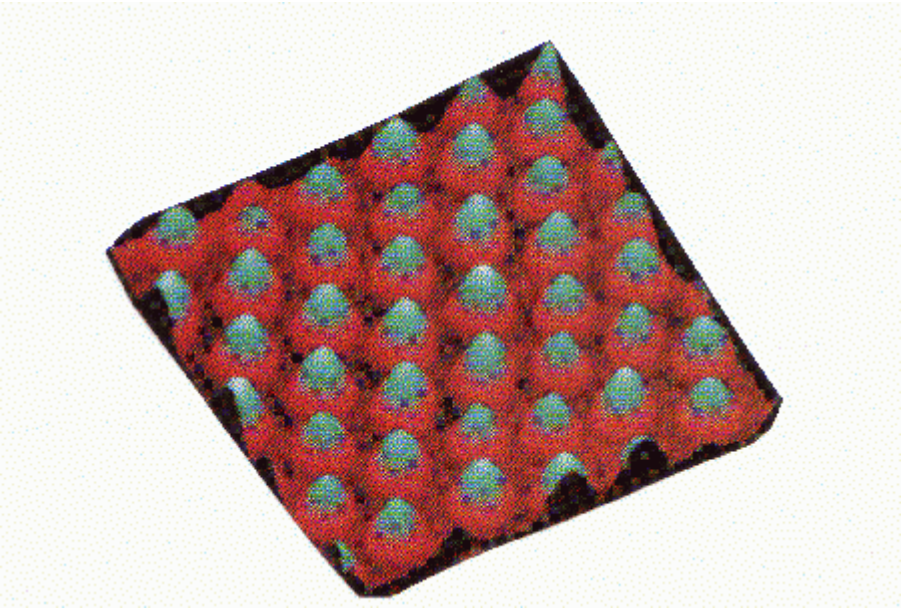


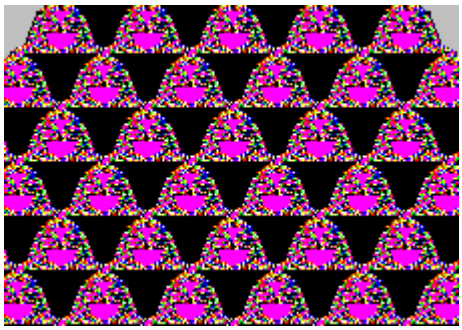
Abb. 18b

Solch eine Struktur wie in Abb. 17 erinnert an ein Kristallgitter, in dem die Moleküle wohlgeordnet sind. Und Abb. 18a könnte vielleicht gar als Illustration eines Bose – Einstein – Kondensats dienen, in welchem, wie Wolfgang Ketterle einst in einem SPIEGEL – Interview sagte, die Atome nicht mehr wild durcheinander schwirren, wie sie das normalerweise tun, sondern „plötzlich alle im Gleichschritt (marschieren) wie eine Armee."[7] Wenn man Abb. 18a bis auf Pixelebene vergrößert, so meint man wirklich, eine im Gleichschritt daher kommende Armee von Pixeln zu sehen (Abb. 18b).

Auch die Welt der Nanostrukturen ermöglicht Vergleiche mit Strukturen vom Typ PER, die in Palindromisierungsprozessen entstehen. Hierfür zwei Beispiele

Abb. 19 zeigt oben Germanium-Nanoinseln auf einer Silizium – Oberfläche,[8] und im unteren Teil links eine Gitterstruktur zur Basis b = 7 und rechts eine zur Basis b = 32.





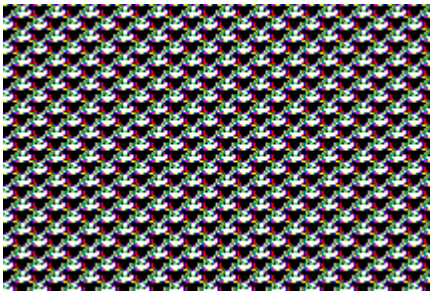


Abb. 19

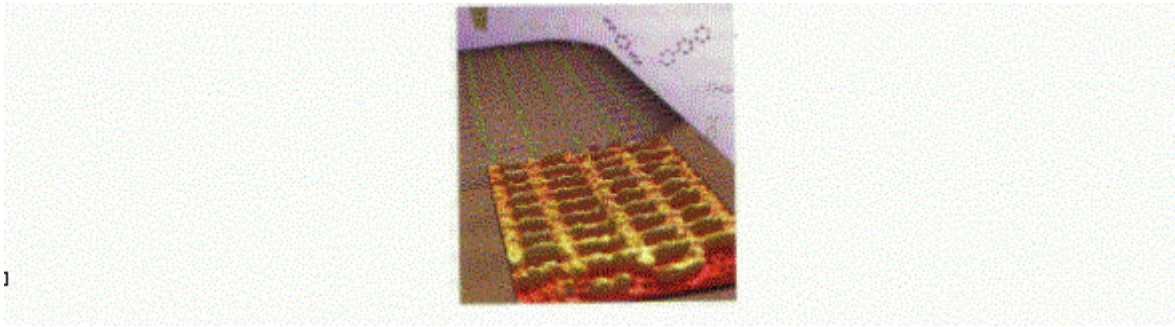
Und hier noch ein experimentelles Bild der Selbstorganisation von nanogroßen, molekularen Komponenten auf einer Kupferoberfläche.[9] Und darunter eine in Basis b = 5 entstehende Struktur (Abb. 20).

---

[7] Vgl.: Atome im Gleichschritt. In: DER SPIEGEL, 42/2001, S. 288.

[8] Vgl.: Schmidt, Oliver G.: Per Selbstorganisation zu Nanochips? In: Spektrum der Wissenschaft. April 04/2002. S. 9

[9] Vgl.: GIT Labor Fachzeitschrift. 12/2007. S. 975.



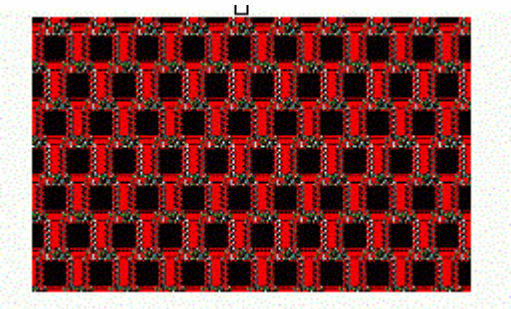


Abb. 20

Schließlich noch ein Beispiel aus der organischen Welt. Abb. 21a zeigt die Anordnung von Proteinmolekülen im Abwehrorganell des Pantoffeltierchens, eine sogenannte Boltzmannsche Ordnung,[10] und Abb. 21b eine Struktur vom Typ PER in Basis b = 2.

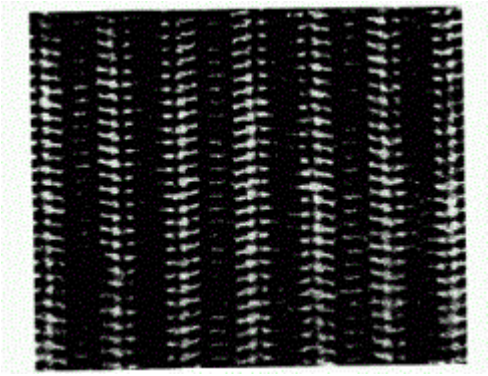


Abb. 21a

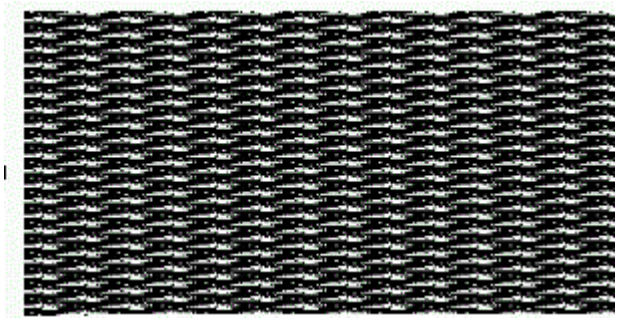


Abb. 21b

6. 2. Strukturtyp SIM

Der zweite Grundtyp von Strukturen, die bei Palindromisierung entstehen, sind die von mir so genannten Similaritäten oder kurz: Typ SIM. Bei ihnen wird eine zentrale Figur, zumeist ein Dreieck – sie kann aber auch ein Rhombus, ein Viereck oder etwas anderes sein –, nicht in identischer Ge-

[10] Vgl.: Hausmann, K.: Katalog der Ausstellung „Natur und Form“. Berlin o. J.

stalt und in zeitlich gleichen Abständen reproduziert, wie beim Typ PER, sondern in wachsender Größe und in zeitlich größer werdenden Abständen, also mit einem bestimmten Skalierungsfaktor, der größer ist als 1. Zu beachten ist dabei, dass jedes Dreieck mit seiner Spitze auf der Mitte der Grundlinie des nächstfolgenden Dreiecks liegt.

Auch dieser Typ tritt in den verschiedensten Ausgestaltungen auf. Die folgenden Abbildungen zeigen einige Repräsentanten, bei denen die zentrale Figur ein Dreieck (Abb. 22), ein Rhombus (Abb. 23), ein Rechteck (Abb. 24) oder ein Drachenviereck (Abb. 25) ist.

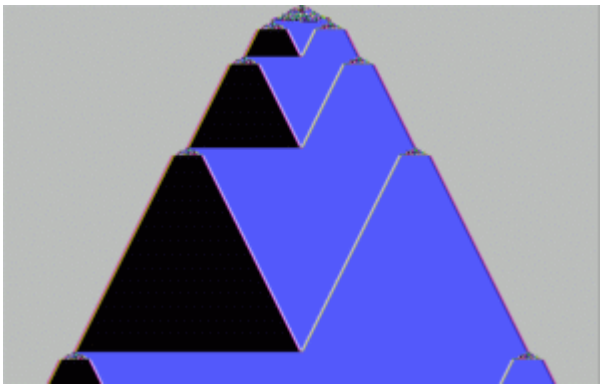


Abb. 22

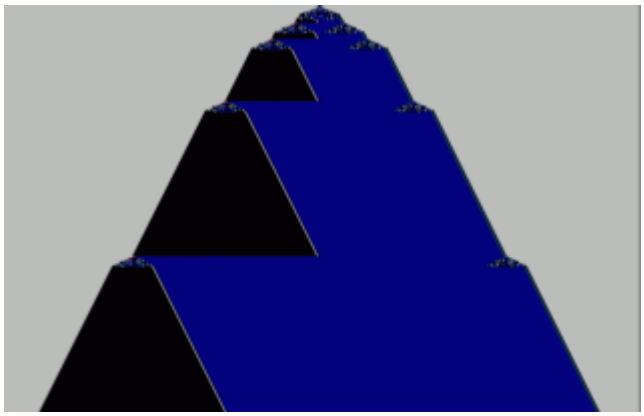


Abb. 23

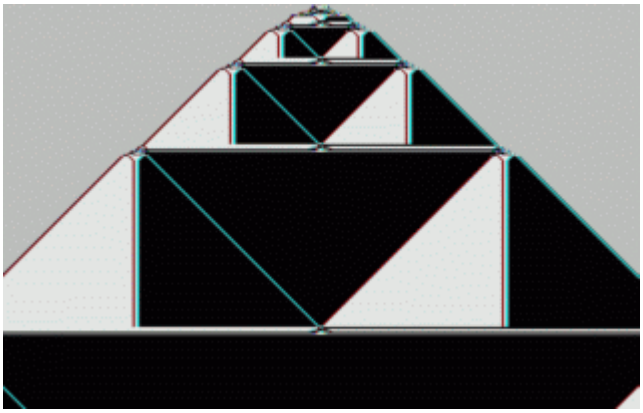


Abb. 24

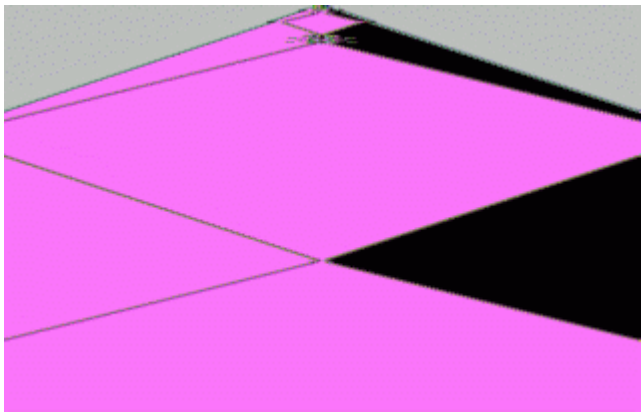


Abb.. 25

Die zentrale Figur besteht in der Regel aus (b – 1)-Sequenzen; sie kann aber auch aus Nullen bestehen, wie Abb. 26 zeigt, oder aus Nullen und (b – 1)-Sequenzen (Abb. 27).

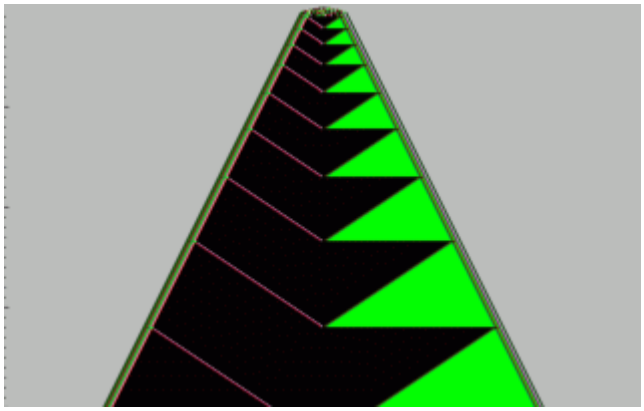


Abb. 26

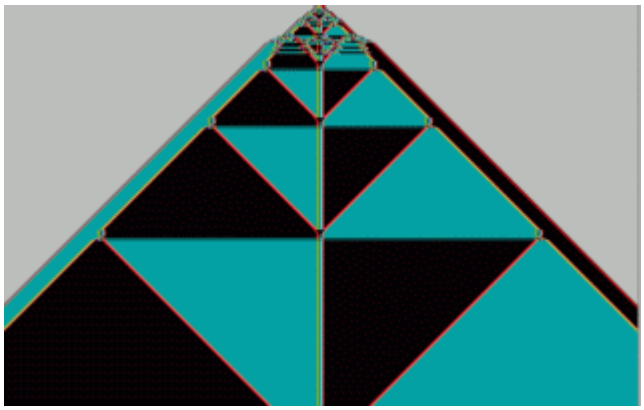


Abb. 27

Im Strukturtyp SIM trifft man nun auf ein Phänomen, das allen Erwartungen zuwiderläuft. Bei den periodischen Strukturen und auch bei den Similaritäten, die wir bisher betrachtet haben, bewirkt eine Erhöhung der Zykluslänge auf ein Vielfaches der Moduslänge, dass die Figur lediglich gestaucht wird und zugleich in die Breite geht.

Mit dieser Erwartung begegnet man zunächst auch denjenigen Similaritäten, bei denen das zentrale Dreieck auf jeder Figurenebene nicht mit der Spitze auf der Mitte der Grundlinie des nächstfolgenden liegt, sondern des vorangehenden. Die Spitzen der Dreiecke sind bei dieser Variante von Similarität nicht nach unten gerichtet, sondern nach oben. Abb. 28a zeigt ein solches Gebilde.

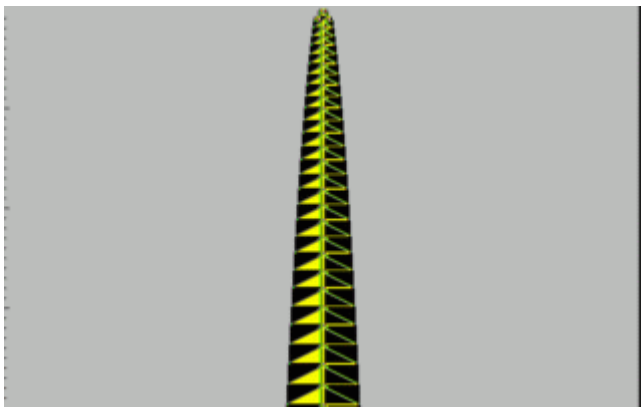


Abb. 28a

Als mir diese Figur das erste mal entgegen sprang, hatte ich widersprechende Gefühle. Einerseits faszinierte mich die Eleganz dieser Konstruktion, andererseits schien mir diese Schöne doch etwas zu schlank zu sein, um nicht zu sagen: zu dürr. Aber es gibt ja ein Mittel, solch eine Figur fülliger werden zu lassen: Man erhöht die Zykluslänge.

Bei doppelter oder vierfacher Moduslänge werden die Dreiecke in der Tat gestaucht, und die Figur wird etwas breiter. Aber schon bei achtfacher Moduslänge und noch klarer bei 16-facher passiert etwas Unerwartetes: Die aufeinander folgenden Dreiecke verschwinden nämlich, und an statt ihrer erscheinen plötzlich ineinander geschachtelte und aufeinander folgende Scharen von Ellipsen, deren Form an elektrische oder magnetische Feldlinien erinnert: Abb. 28b.

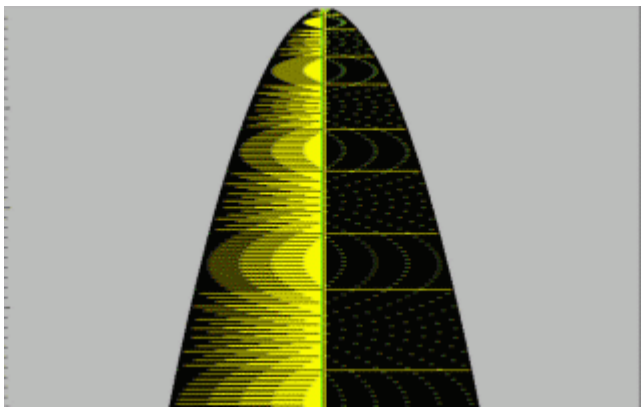


Abb. 28b

Auf der ersten Figurenebene befindet sich nur eine einzige Ellipse, auf der zweiten zwei, auf der dritten drei usw.

Ich verstehe bis heute nicht, wie dieser Wechsel zustande kommt. Gewiss, man kann durch eine konforme Abbildung in der komplexen Zahlenebene Dreiecke zu Ellipsen werden lassen, aber was hat ein einfacher Palindromisierungsprozess, der nur durch Umkehrung, Addition und Subtraktion von Zahlen bewirkt wird, mit solch einer komplexen Abbildung zu tun? Und wer in dem Bild etwa elektromagnetische Felder sieht, der müsste zumindest sagen können, wieso die zentrale Achse der Figur als ein stromdurchflossener Leiter aufgefasst werden kann.

Das Einzige, das ich dazu sagen kann ist, dass die neue Figur natürlich in der ursprünglichen bereits enthalten gewesen sein muss; sie war gleichsam in ihr verborgen und tritt erst bei entsprechender Erhöhung der Zykluslänge zutage. Ich nehme diese Variante des Strukturtyps SIM deshalb einfach zur Kenntnis und nenne sie eine „Verborgene Similarität“, eine „Hidden Similarity“, kurz: Typ HSIM.

Es gibt noch andere Repräsentanten dieses Typs. Sie zeigen bei entsprechender Erhöhung der Zykluslänge nicht geschlossene Ellipsen, wie der soeben betrachtete, sondern offene, deren Scheitelpunkte sich gegenüber stehen. Die Abbildungen 29a und 29b zeigen ein solches Gebilde.

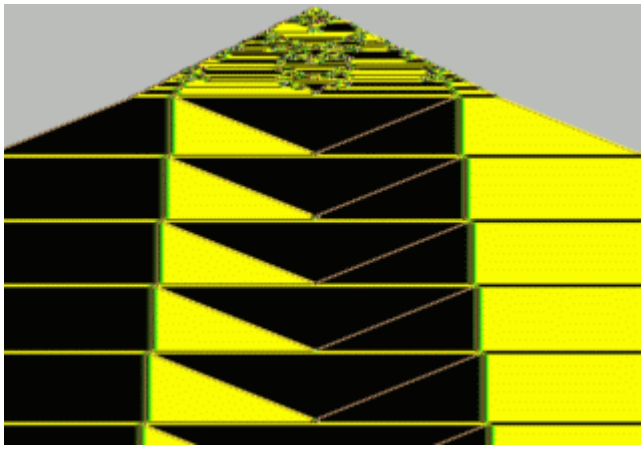


Abb. 29a

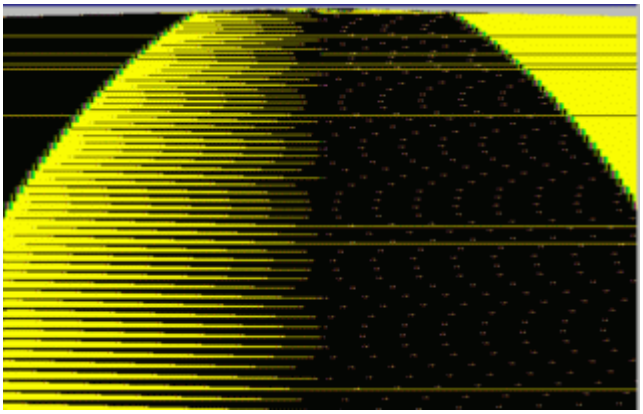


Abb. 29b

Merkwürdig ist auch ein anderer Repräsentant des Typs HSIM, der in den Abbildungen 30a und 30b zu sehen ist.

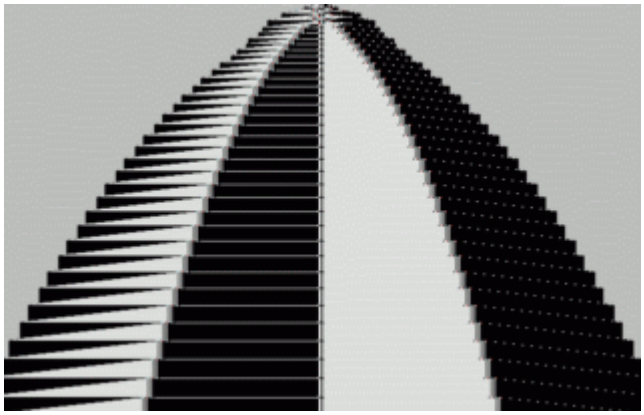


Abb. 30a

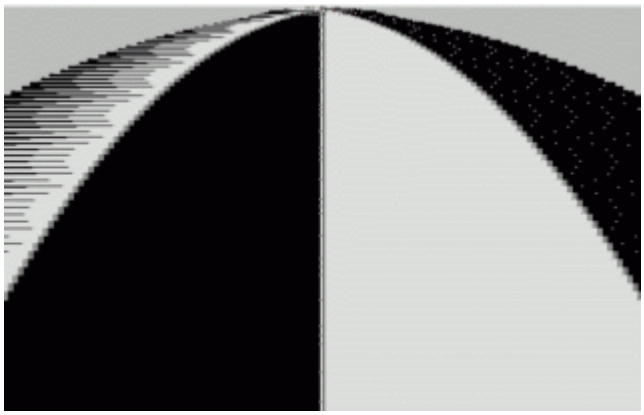


Abb. 30b

Und um das Maß voll zu machen, sei schließlich noch jener Repräsentant erwähnt, der sich durch einen Skalierungsfaktor auszeichnet, der kleiner ist als Eins und gegen Null strebt: Abb. 31.

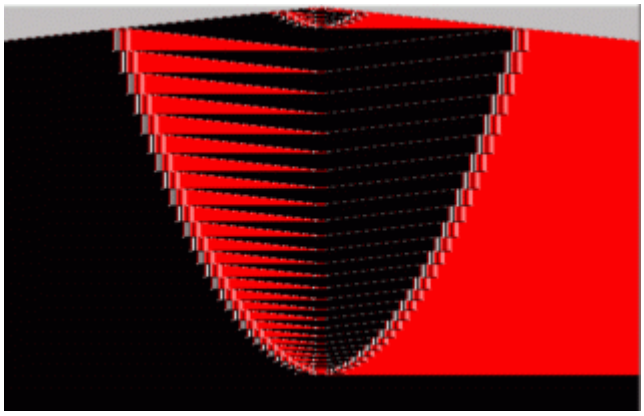


Abb. 31

6. 3. Strukturtyp SIER.

Der dritte Grundtyp von Strukturen, die durch Palindromisierung entstehen, trägt den Namen Waclaw Sierpinksis, eines polnischen Mathematikers, der 1915 eine Kurve beschrieb, „deren jeder Punkt ein Verzweigungspunkt ist".[11] In seiner Arbeit stellte Sierpinski zwei Verfahren zur Konstruktion eines solchen mathematischen Monsters vor.

Beim ersten geht man von einem bestimmten Streckenabschnitt aus, aus dem ein Stück herausgelöst wurde, über dem ein gleichschenkeliges Trapez errichtet wird (Abb. 32a). Mit jedem der drei neuen Streckenabschnitte, die man jetzt erhält, verfährt man in der gleichen

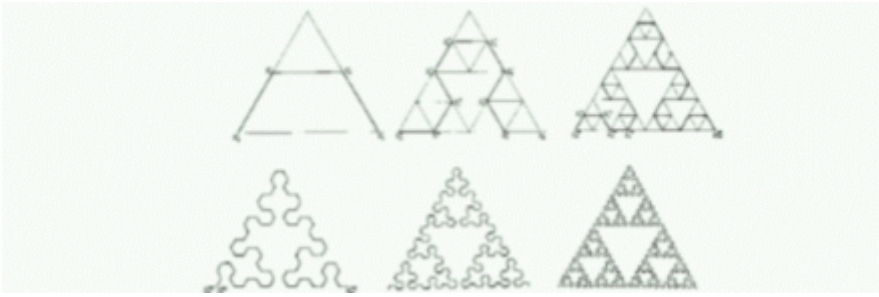


Abb. 32a

Weise. Setzt man den Prozess hinreichend lange fort, entsteht ein durch und durch durchlöchertes, dreieckiges Gebilde.

Das zweite Verfahren geht gleich von einem Dreieck aus. Man verbindet die Mittelpunkte der

[11] Vgl.: Sierpinski, Waclaw: Sur une courbe dont tout point est un point du ramification. In: Œuvres choisies.Hrsg. von S. Hartmann u. a. Warschau 1974. Bd. II, S. 99 – 106.

drei Seiten miteinander und erhält so ein neues Dreieck, das aus dem ursprünglichen herausgelöst wird (Abb. 32b). Es verbleiben drei kleinere Dreiecke, mit denen jetzt wieder in der gleichen Weise verfahren wird: Mittelpunkte der Seiten verbinden, mittleres Dreieck herauslösen usw.

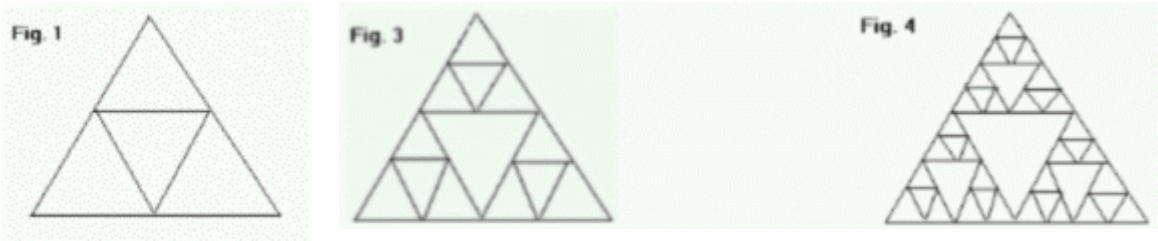
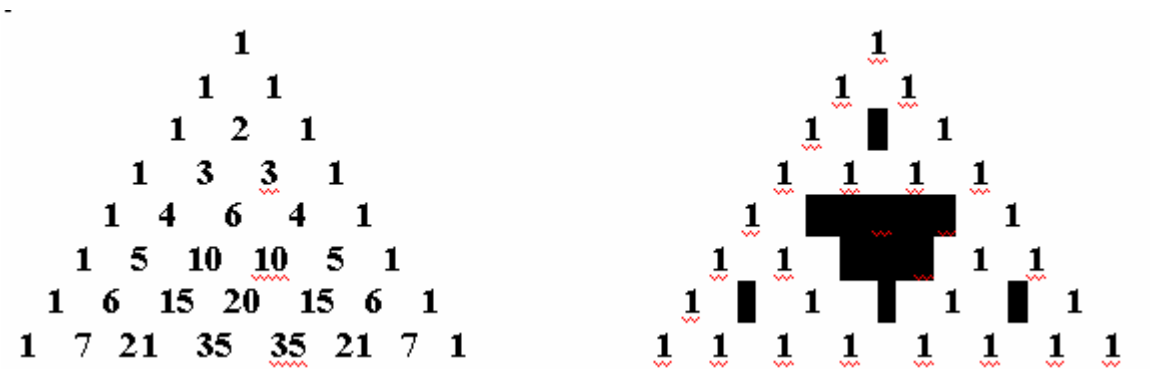


Abb. 32b

Beide Verfahren führen zu ein und demselben Ergebnis, das sowohl Kurve als auch Fläche bzw. keines von beiden ist. Heute weiß man, dass wir es mit einem Fraktal zu tun haben, dessen fraktale Dimension d etwa d = 1,5849 ... ist.

Man kann dieses Dreieck auch auf arithmetischem Wege erhalten, nämlich aus dem Pascalschen Zahlendreieck, wenn man alle in ihm vorkommenden Zahlen durch Zwei teilt und an die Stelle der Zahlen den Rest setzt, der bei der Teilung jeweils übrig bleibt, also Eins oder Null (die Nullen sind schwarz gefärbt):



Pascalsches Dreieck *Sierpinski-Dreieck*

Das Erstaunliche ist nun, dass solche Sierpinski-Dreiecke auch in Palindromisierungsprozessen entstehen können. Sie sind so aufgebaut, dass eine mehr oder weniger komplex strukturierte Elementarzelle sich auf der jeweils folgenden Hierarchieebene zweimal identisch reproduziert. Abb. 33a zeigt ein solches Gebilde in Basis b = 3; das Besondere an ihm ist, dass seine Elementarzelle nur die vierstellige Sequenz 1012, also a(a – 1)(b – a – 1)(b – a), ist, wie man in der Vergrößerung auf Pixelebene sehen kann (Abb. 33b):

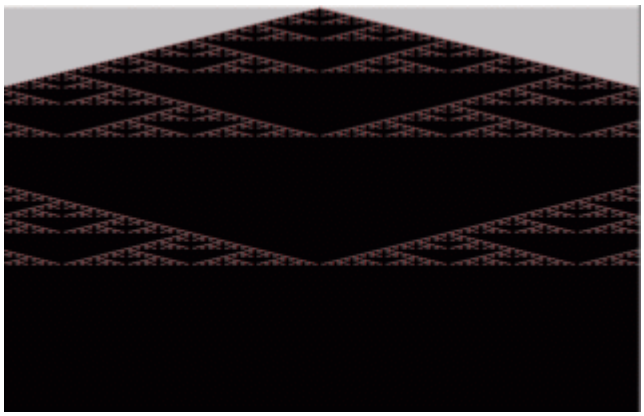


Abb. 33a

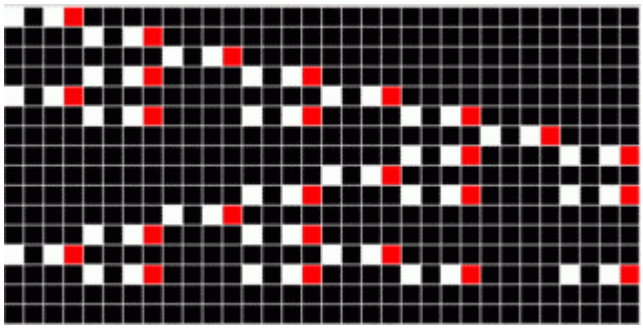


Abb. 33b

Solche Strukturen vom Typ SIER, wie wir sie nennen wollen, können sich aber auch aus höchst komplexen und in sich chaotisch gestalteten Elementarzellen zusammensetzen, wie Abb. 34 bezeugt.

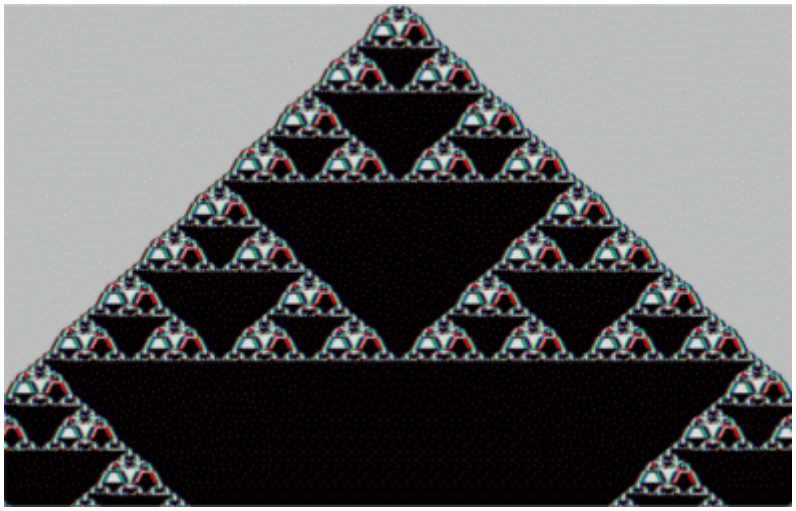


Abb. 34

Auch müssen bei Repräsentanten des Typs SIER die Nulllöcher nicht unbedingt Dreiecke sein, wie Abb. 35 belegt.

Und schließlich möchte ich noch auf den Typ des Verallgemeinerten Sierpinski-Dreiecks aufmerksam machen, den Abb. 36 zeigt.

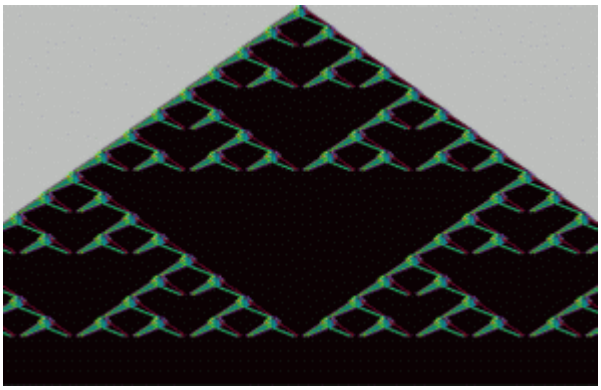


Abb. 35

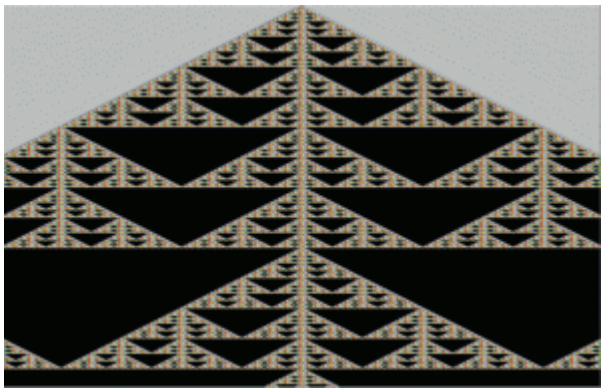
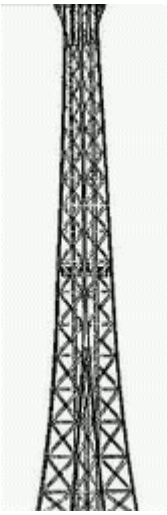


Abb. 36

Entspricht solchen Strukturen etwas in der Natur oder in anderen Bereichen unserer Welt?



Eiffel - Turm

Benoit Mandelbrot behauptet, „dass (noch vor Koch, Peano und Sierpinski) dem von Gustav Eiffel in Paris gebautem Turm die Vorstellung von einer fraktalen Kurve voller Verzweigungspunkte innewohnt.“[12] Gitterstrukturen vom Typ SIER spielen auch in diversen physikalischen Untersuchungen eine Rolle. Z. B. ist Mandelbrot überzeugt, dass Gebilde von der Art eines Sierpinski-Dreiecks beim Studium der Perkolation durch Gitter benötigt werden.[13] Auch stoßen solche Strukturen, wie ich der Literatur entnehme, bei der Untersuchung des Phänomens der Supraleitfähigkeit auf bevorzugtes Interesse.[14]

Schlägt man das wunderbare Buch von Hans Meinhardt „Wie Schnecken sich in Schale werfen“[15] auf, so findet man eine Fülle von Photoaufnahmen der Muster auf den Schalen vieler Schneckenarten (vgl. Abb. 37, oben). Herr Hartmut Linde hat ein solches Exemplar an dem Gestade des Roten Meeres gefunden; er hat es mir freundlicherweise für heute zur Demonstration überlassen (Abb. 37, Mitte). Abb. 37 zeigt unten schließlich zum Vergleich ein Verallgemeinertes Sierpinski. Die Dreiecke halten hier nicht mehr die strenge Sierpinski-Ordnung ein, sondern gruppieren sich mehr in einer freien Ordnung, ohne jedoch die Dreiecksstrukturen aufzugeben.

---

[12] Vgl.: Mandelbrot, Benoit B.: Die fraktale Geometrie der Natur. Berlin 1987. S. 143.

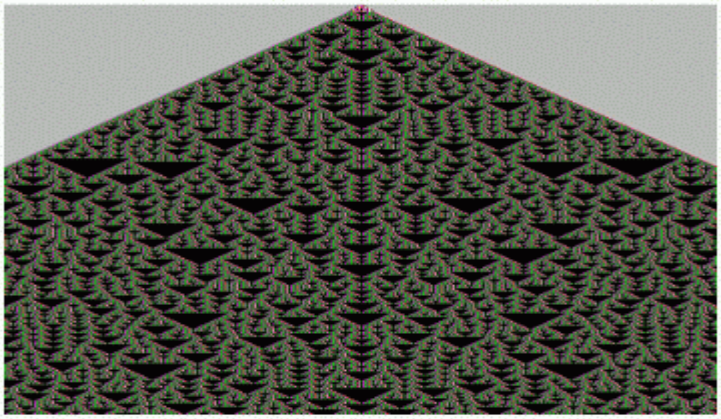
[13] Vgl.: Ebenda. S. 138.

[14] Vgl, dazu die Literaturangaben in den Fußnoten 13 – 17 des Kapitels 13 meiner Arbeit „Ein Esel lese nie. Mathematik der Palindrome“. Rowohlt, Reinbek 2003, S. 331 – 332.

[15] Meinhardt, Hans: Wie Schnecken sich in Schale werfen. Muster tropischer Meeresschnecken als dynamische Systeme. Springer. Berlin/Heidelberg 1997.

Hans Meinhardt, MPI für Entwicklungsbiologie Tübingen
(Katalog der Ausstellung „Natur und Form“, o. J.)

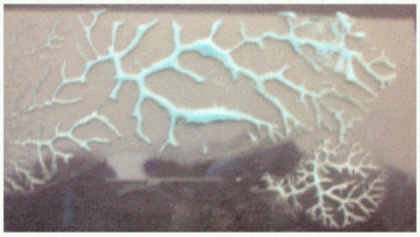
Fundstück von Hartmut Linde. Eigene Aufnahme



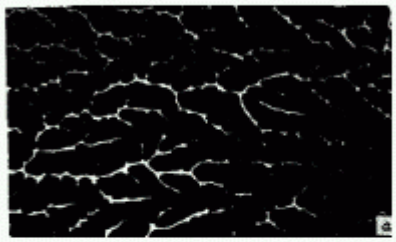
$\underline{b} = 23$; $\underline{m} = s_0a_1(s_2a_2)_1s_2(30)$; $\underline{Z}_1 = \underline{m}_1$

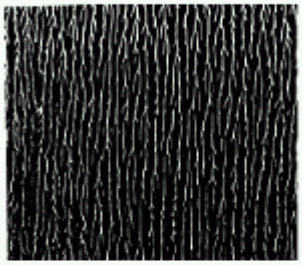
Abb. 37

Noch einen Schritt weiter geht die folgende Struktur in Abb. 38. Auf den ersten Blick meint man wieder Dreiecke zu erkennen. Betrachtet man sie jedoch näher, so erkennt man, dass es in Zick - Zack – Linien verlaufende Stränge sind, die von den OT – Sequenzen ausgehen und eher an einen Dendriten oder ein pflanzliches Wurzelwerk, ein Rhizom, erinnern. Hartmut Linde machte mich darauf aufmerksam, dass eine solche Struktur in der Physikalischen Chemie als „Meniskusinstabilität“ bekannt sei und man sie einfach erzeugen könne, wenn man zwei mit Butter dünn bestrichene Glasplättchen aufeinander legt und sie sodann wieder auseinander klappt. Auf Abb. 38, oben, ist das Ergebnis des Versuchs zu sehen, den ich dazu durchgeführt habe.

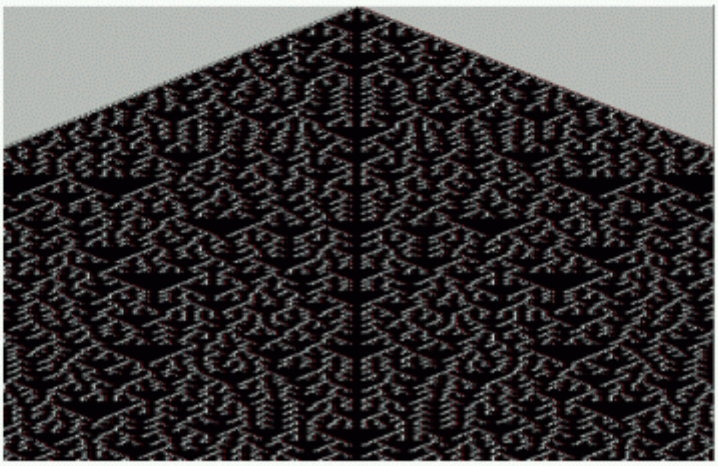


Meniskusinstabilität; nach Hartmut Linde. Eigene Aufnahme





Meniskusinstabilität. Aufnahmen Hartmut Linde



$b = 16$; $m = s_2 a_1 s_1 (a_1 s_2)_4 a_1 s_2 (38)$, $Z_1 = m_1$

Abb. 38

7. Mischtypen und Kommentare

Neben den drei Grundtypen gibt es eine schier unerschöpfliche Vielfalt von Mischtypen. Hier findet man alles, was an Kombinationen der drei Grundtypen möglich ist: Eine Similarität mit einer Periode im Zentrum; ein Sierpinski auf einer Periode; eine Similarität mit einem fraktalen Rand; eine alternierende Aufeinanderfolge von einfachen und verborgenen Similaritäten; ein Sierpinski, dessen Elementarzelle aus einer Periode besteht und alle möglichen anderen.

Ich möchte hier nur einen einzigen Mischtyp vorstellen und verbinde das mit einer bestimmten Absicht.

Als ich über den Typ PER sprach, hatte ich darauf aufmerksam gemacht, dass die Struktur seiner Repräsentanten mit der Struktur eines DNS-Stranges übereinstimmt: Kern, repetitive Sequenzen, OT-Sequenzen. Es bleibt jedoch nicht bei dieser bloßen strukturellen Übereinstimmung. Darauf deutet bereits hin, dass das Kernensemble in einem Repräsentanten des Typs PER genau so identisch übertragen wird, wie der genetisch aktive Abschnitt in der DNS. Mehr noch. Man kann im Experiment am Computer – oder auch mit Bleistift und Papier, wenn es beliebt – Situationen und Prozesse nachvollziehen, die man auch im molekulargenetischen Bereich antreffen kann.

Zum Beispiel Mutationen.

Sie können in zweierlei Weise vorgenommen werden: Als Austausch eines Kernes innerhalb eines Kernensembles (der Kern springt gewissermaßen von einer Position im Ensemble auf eine andere) oder als punktuelle Veränderung eines einzelnen Kernes in einem Ensemble. Ein solches Experiment kann dreierlei Folgen haben, je nach dem, wo der Eingriff erfolgt und wie tiefgreifend er ist:

1. Das Ensemble restauriert sich nach ein oder zwei Perioden vollständig als sei nichts geschehen (Restauration).
2. Es bildet sich ein neues Kernensemble aus (eine neue Art entsteht).
3. Das Ensemble zerfällt, endet im Chaos oder stürzt in die Null ab (Krebswachstum, Tod).

Es würde hier zu weit führen, solche Kernmanipulationen im einzelnen vorzuführen. Ich zeige nur zwei Fälle: Restauration und Chaos. Andere können in der Literatur nachgelesen werden[16].

[16] Vgl.: Kröber, Günter. Ein Esel lese nie. Mathematik der Palindrome. Rowohlt. Reinbek 2003. S. 282 - 289

Kernmanipulation

Kernaustausch

$m = a_1$ {23} in S_{14} ---> {312}

S_0 : 1023
.
.
.

S_{14}: 10 3_4 {23} 0_5	S_{14}: 10 3_4 {312} 0_5
S_{15}: 11 0_3 {312} 3_3 01	S_{15}: 11 0_3 {2111} 3_3 01
S_{16}: 22 0_3 {131} 3_3 12	S_{16}: 21 3_4 22 3_4 12
S_{17}: 10 3_5 {23} 0_5	S_{17}: 10 3_5 11 3_3 230
S_{18}: 11 0_3 {3222} 3_3 01	S_{18}: 202 3_3 031 3_3 131
S_{19}: 22 0_3 {2111} 3_3 12	S_{19}: 10_3 3_2 2_4 3_2 23_3
S_{20}: 10 3_5 {23} 0_6	↓
S_{21}: 11 0_4 {312} 3_4 01	CHAOS

CHAOS auch für {23} in S_{14} ---> {131}
{23} in S_{14} ---> {3222}
{23} in S_{14} ---> {2111}.

$m = a_1$ {312} in S_{15} ---> {3222]

S_0 : 1023
.
.
.

S_{14}: 10 3_4 {23} 0_5	
S_{15}: 11 0_3 {312} 3_3 01	S_{15}: 11 0_3 {3222} 3_3 01
S_{16}: 22 0_3 {131} 3_3 12	S_{16}: 22 0_3 {2111} 3_3 12
S_{17}: 10 3_5 {23} 0_5	S_{17}: 10 3_5 {23} 0_6
S_{18}: 11 0_3 {3222} 3_3 01	S_{18}: 11 0_4 {312} 3_4 01
S_{19}: 22 0_3 {2111} 3_3 12	S_{19}: 22 0_4 {131} 3_4 12
S_{20}: 10 3_5 {23} 0_6	S_{20}: 10 3_6 {23} 0_6
S_{21}: 11 0_4 {312} 3_4 01	S_{21}: 11 0_4 {3222} 3_4 01
	↓
	Kernensemble restauriert sich

Da die Entsprechungen also augenscheinlich sind und über den rein strukturellen Aspekt hinaus gehen, könnte man sich doch immerhin fragen, wie Gegebenheiten, Sachverhalte, die wir in der Palindromik beobachten, in der Sprache der Molekulargenetik wohl klingen könnten. Wie das gemeint ist, möchte ich an dem folgenden Beispiel erläutern.

Repetitive Sequenzen in der DNS sind seit Mitte der 60er Jahre des vorigen Jahrhunderts bekannt. Sie wurden erstmalig in der DNS von Mäusegeweben entdeckt und in den Folgejahren auch in allen untersuchten höheren Arten von Organismen nachgewiesen.[17] Sie nehmen 20 – 80 % der DNS im Zellkern ein. Das Genom des Menschen besteht zu mehr als 95% aus nicht Protein kodierender DNS mit etwa 35 % repetitiven Sequenzen[18].

Lange Zeit und im Grunde bis heute gab und gibt es keine vollständige Klarheit über die Funktion dieser genetisch nicht aktiven Segmente. Sie wurden deshalb als „genetischer Müll", als „Junk-DNA" betrachtet. Ihre weite Verbreitung und ihre Fortdauer über Millionen von Jahren der Evolution lassen jedoch vermuten, dass sie doch eine wichtige Funktion innerhalb der Zelle und für das Überleben der Organismen haben.

Aus der Sicht der Palindromik böten sich zwei Antworten an.

1. In der Palindromik sprechen wir davon, dass sich die repetitiven Sequenzen von Periode zu Periode um einen bestimmten Betrag erweitert reproduzieren. Je weiter der Palindromisierungsprozess fortgeschritten ist, desto größer ist die Anzahl der repetitiven Sequenzen in einer Ergebniszeile. In die Sprache der Molekulargenetik übersetzt würde das heißen, dass die Anzahl von Repetitionen in einer DNS etwas über das Evolutionsalter der betreffenden Organismenart aussagen könnte. Wenn ich recht unterrichtet bin, gibt es inzwischen durchaus Vermutungen in dieser Richtung.

2. In Palindromisierungsprozessen können Strukturen entstehen, die nicht oder zumindest nicht von Anfang an von reinem Typ PER, SIM oder SIER sind. Abb. 39 zeigt z. B. eine Struktur, die aus mehrstelligen, vertikalen repetitiven Sequenzen besteht, welche zunächst ein zentrales Gebilde umhüllen, das sich mit einem gegen Null strebenden Skalierungsfaktor similar reproduziert.

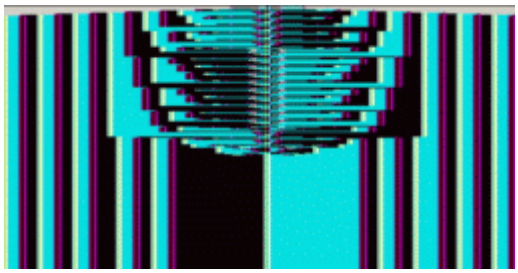


Abb. 39

Man sieht, wie die ersten drei, dem Zentrum am nächsten gelegenen mehrstelligen repetitiven Sequenzen sukzessive in die similare Reproduktion einbezogen werden und, nachdem diese zum Stillstand gekommen ist, ein neuer Kernbereich sich auftut. Repetitive Sequenzen wurden hier über ein Zwischenstadium in Kernsequenzen umgeformt.

Noch deutlicher wird diese Umwandlung, wenn die umzuformenden repetitiven Sequenzen sich nicht in Richtung des Kernes abbauen, sondern sich konvex nach außen krümmen, dabei zunächst wieder ein similares Zwischengebilde schaffen, um schließlich zu einem sich identisch und periodisch reproduzierenden Kernbereich zu werden (Abb. 40).

---

[17] Vgl.: Britten, Roy J../Kohne, David E.: Repeated Segments of DNA. In: Scientific American. April 1970. S. 26.

[18] Vgl.: Molekularbiologie. Hrsg. von H. Bielka. Stauttgart 1985. S. 159.

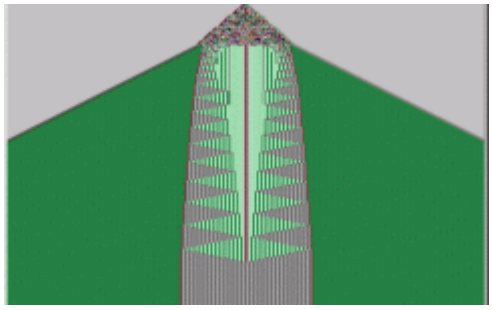


Abb. 40

In der Sprache der Molekulargenetik könnte das heißen, dass die als genetischer Müll denunzierten Segmente im Verlaufe der Evolution durchaus als genetische Reserven auftreten können.

Ich habe mich im Jahre 2004 zu dieser Vermutung schon einmal öffentlich geäußert.[19] 2007 war dann zu erfahren, dass ein internationales Forscherkonsortium, dem 35 hochrangige Forschungsgruppen angehörten, herausgefunden hat, dass auch sogenannte Müllbereiche in RNA umgewandelt werden können, die ihrerseits die Aktivität der Gene steuert.[20]

Heute ist das ein eigenständiger Forschungszweig geworden, die Epigenetik. In ihr geht es u. a. darum, zu verstehen, wie Information über die Genregulation, die nicht in der DNS kodiert ist, von einer Zell- oder Organismen – Generation in die nächste gelangt.

In der Palindromik findet sich aber auch das Phänomen, dass repetitive Sequenzen zu einer Similarität umgewandelt werden statt zu einer Periode (vgl.: Abb. 41).

Ob dem etwas in der Molekulargenetik entspricht, entzieht sich meiner Kenntnis. Vielleicht findet es doch einmal jemand und vermag es zu deuten und einzuordnen.

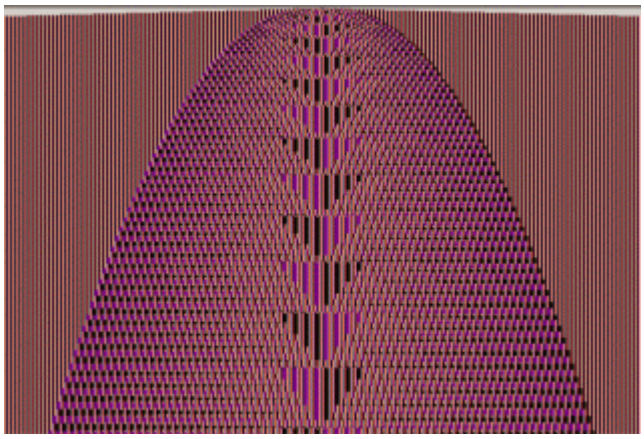


Abb. 41

Indes gibt es noch eine andere Entsprechung: Die schrägen Kerne (vgl. Abb. 15).

Der zentrale, vertikal verlaufende Kern wird ja periodisch in der Zeit und nur in der Zeit identisch reproduziert. Wie aber ist das mit den schrägen Kernen? Auch sie werden identisch und periodisch in der Zeit reproduziert. Außerdem aber verlagern sie sich mit jeder Periode bzw. Zykluslän-

[19] Vgl.: Kröber, Günter: Genetischer Müll oder genetische Reserven? Die Antwort der Palindromik. In: Neues Deutschland, 23./24. 10. 2004.

[20] Vgl.; Berliner Zeitung. 14. 6. 2007.

ge in der Horizontalen, was einer raumzeitlichen identischen Reproduktion entspricht. Man könnte auch sagen: Neben der vertikalen Reproduktion des Kernensembles gibt es noch eine horizontale. In die Sprache der Molekulargenetik übersetzt hieße das, dass genetische Information nicht nur zwischen Individuen ein und derselben Art übertragen wird, sondern auch über Artgrenzen hinweg erworben werden kann. Und das ist bekanntlich tatsächlich der Fall.[21] Die Genetiker interessieren sich seit geraumer Zeit für ein Phänomen, das sie „horizontaler oder lateraler Gentransfer" nennen, welches genau das leistet: Identische Übertragung genetischer Information nicht nur innerhalb ein und derselben Art, also lediglich in der Zeit, sondern auch über Artgrenzen hinweg, also raumzeitlich, oder auch: Nicht nur vertikal, sondern auch horizontal.

Gestatten Sie hiernach noch einen letzten Kommentar.

Ich habe versucht zu zeigen, dass Strukturen, die im Ergebnis von Palindromisierungsprozessen entstehen, ihrer äußeren Form nach Entsprechungen in der Natur haben: DNS, Kristallstrukturen, Feldlinien, und man könnte noch andere aufzeigen. Interessanter sind aber wohl Entsprechungen in Prozessverläufen, wie ich sie soeben für die Umwandlung von repetitiven Sequenzen des Typs PER in Kernsegmente einerseits und die Transformation von sogenanntem genetischen Müll in genetische Reserven andererseits sowie für die schrägen Kerne einerseits und den horizontalen Gentransfer andererseits gezeigt habe.

Man kann nun Palindromisierungsprozesse auch unter informationellem Gesichtspunkt betrachten.

Eine beliebige Zeichenkette, also auch eine Zahlensequenz, kann ja als potenzieller Informationsträger aufgefasst werden. Bei Werner Ebeling findet sich der Begriff der „strukturellen Information", unter der „jegliche nicht zufällige, räumliche oder zeitliche Information" verstanden wird.[22] Werner Ebeling will ihn auf materielle Strukturen begrenzt wissen. Ich sehe jedoch keinen Grund, warum er nicht auch auf Strukturen angewandt werden könnte, die in Palindromisierungsprozessen von Zahlen entstehen.

Unter diesem Gesichtspunkt finden wir in Strukturen des Typs PER die identische Weitergabe struktureller Information aus einer Periode in die nächste realisiert. Und zwar gilt sie für alle drei Bestandteile dieses Strukturtyps: Für den Kern, die repetitiven Sequenzen und die OT- Sequenzen. Der Kern wird identisch in der Zeit übertragen, ebenso die repetitiven Sequenzen, sofern sie mehrstellig sind und vertikal verlaufen. Schräge repetitive Sequenzen aber und schräge Kerne werden – ebenso wie die OT – Sequenzen – raumzeitlich identisch übertragen.

Die similare Reproduktion der Zentralfigur im Strukturtyp SIM ist vor allem deshalb interessant, weil die zeitlichen Abstände und die räumlichen Maßstäbe der einzelnen Strukturebenen um so größer sind, je entfernter sich der Prozess von seinem Ursprung befindet. Zugleich kann dieser Strukturtyp auch identische Weitergabe realisieren, denn an den Ecken der similaren Dreiecke können sich Substrukturen befinden, die als Information identisch im Inhalt, doch similar in der Zeit übertragen werden, wenn sie an der unteren Dreiecksspitze sitzen, während diejenigen, die sich an den seitlichen Ecken befinden, im Inhalt identisch und raumzeitlich similar übertragen werden. Im Strukturtyp SIM ist somit sowohl similare als auch identische Informationsübertragung – und zwar gleichzeitig – möglich.

Auch der Strukturtyp SIER überträgt strukturelle Information sowohl similar als auch identisch (vgl. Abb. 34). Das zentrale Null - bzw. (b – 1) – Loch wird von Hierarchieebene zu Hierarchieebene similar übertragen. Zugleich aber wird das Loch auch identisch übertragen, und zwar raumzeit-

[21] Vgl.: Frankfurter Allgemeine Zeitung vom 24. 9. 2008.

[22] Ebeling, Werner/ Freund, Jan/ Schreiber, Frank: Komplexe Strukturen: Entropie und Information. Leipzig 1998. S. 54

lich und in jeweils doppelter Ausfertigung. Dieses Prinzip – doppelte raumzeitliche identische Reproduktion – ist das Grundprinzip der fraktalen Informationsübertragung.

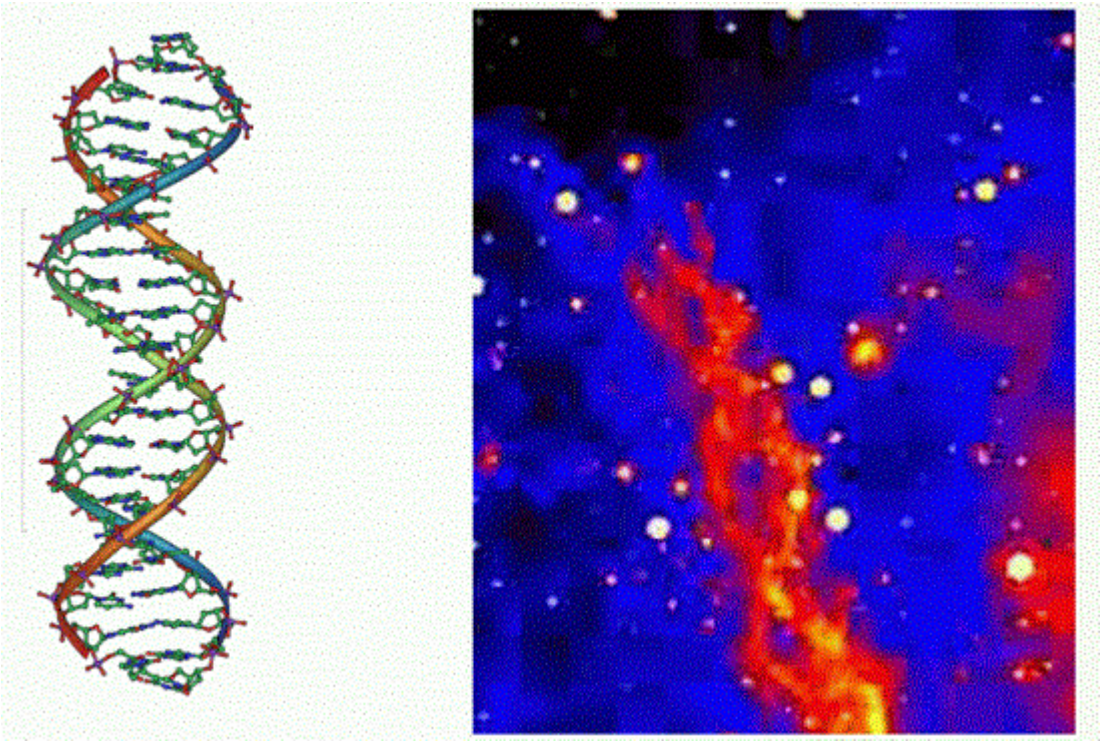
Meine Damen und Herren,

Die Entsprechungen zwischen Strukturen, die in Palindromisierungsprozessen entstehen, und solchen in der Natur mögen so äußerlich sein, wie sie wollen. Fakt ist, dass es sie gibt. Ich lade Sie an dieser Stelle zur Betrachtung einer letzten Kuriosität ein. Abb. 42 zeigt Ihnen drei Dinge:

Unten den Ausschnitt aus einer Struktur vom Typ PER mit einer Doppel-Helix im Zentrum, oben links das molekulargenetische Strukturmodell der Doppelhelix der DNS, und rechts die Aufnahme eines kosmischen Nebels in der Nähe des Zentrums der Milchstraße, der vermutlich aus interstellarem Gas und Staub besteht und nach Ansicht der Astronomen durch Wechselwirkung zwischen dem Magnetfeld in der Nähe des zentralen Schwarzen Loches und der Materie des Nebels zustande kommt[23]. Dreimal die gleiche Struktur in drei ganz verschiedenen Bereichen.

Und weil es solche Entsprechungen gibt, steht zu vermuten, dass hinter ihnen sich jeweils eine gemeinsame Mathematik verbirgt. Welche, weiß heute niemand zu sagen. Eines aber scheint mir unwiderlegbar zu sein: Sowohl natürliche Evolutionsprozesse als auch Palindromisierungsprozesse von Zahlen sind irreversible, nichtlineare Prozesse mit einer sensitiven Abhängigkeit von den Anfangsbedingungen. Beide kommen nur dadurch zustande, dass das Ergebnis einer bestimmten Etappe der Evolution zum Ausgangspunkt der nächsten Etappe wird. Meine These ist deshalb: ***Die Crux der Evolution ist Iteration.*** Vielleicht kann von hieraus weiter gefragt werden nach der gemeinsamen Mathematik, die hinter allem steht. Aber das ist eine Sache der Zukunft, und deshalb glaube ich, auch ganz im Sinne von Senator Zöllner gesprochen zu haben, der in seinem Grußschreiben an den diesjährigen Leibniz - Tag dazu aufgefordert hatte, prospektiv an das heranzugehen, was uns heute in der Wissenschaft bewegt.

[23] Vgl.: wissenschaft.de/wissen/news/262986.html.



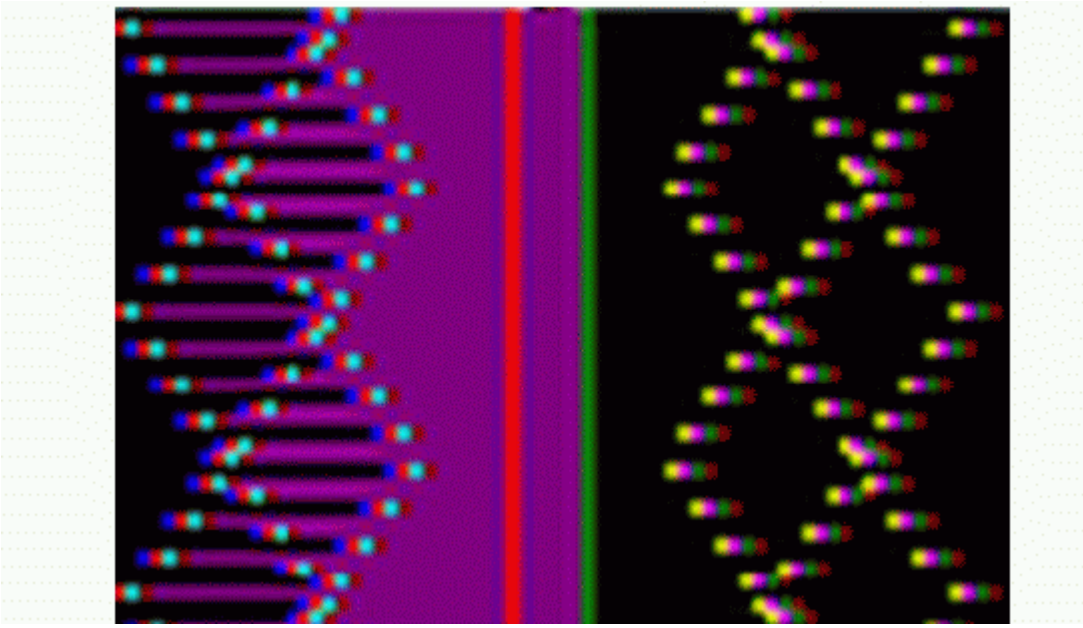


Abb. 42

Daten der Abbildungen

(S_0 ist ab Abb. 6 immer $S_0 = 10(b – a - 1)(b – a)$

Nr.	b	m	Z_l
5	10	$a_1(1)$	m_l
6a	6	$s_1(1)$	„
6b	29	$s_1(1)$	„
7a – 7d	15	$s_4a_6s_3a_6s_9(28)$	„
8	11	$a_6s_4a_2s_2(a_4s_5)_2s_1(33)$	„
9	19	$a_1s_2a_3s_4a_5s_6a_7s_3(a_3s_3)_3(49)$	2ml
10	23	$a_1s_4a_4s_2(11)$	m_l
11	29	$s_3(a_1s_2)_2(a_1s_1)_{18}(s_2a_1)_3(54)$	„
12	23	$(s_2a_1)_4(a_3s_3)_4(36)$	„
13	19	$s_5a_1(s_2a_2)_3(a_1s_1)_{33}s_1(85)$	„
14	29	$a_1s_2a_3s_4a_1s_1a_3s_6(21)$	„
15	18	$s_4a_1s_1(a_3s_3)_4s_3(33)$	„
16	2	$a_{16}s_{15}(31)$	$2m_l$
17	9	$a_9s_4a_1s_5(19)$	m_l
18	22	$s_4a_1s_3a_1s_2a_1s_3(a_3s_3)_3a_3s_1(37)$	„
19 links	7	$a_2s_5a_5s_4(16)$	„
19 rechts	32	$(s_2a_2s_1)_5a_{10}s_3(38)$	„
20	5	$(s_1a_2s_2)_2(a_1s_1)_{18}s_1a_2s_3(52)$	106
21	2	a2(s1a2)9a13s4(46)	m_l
22	27	$(s_5a_1)_2(a_3s_3)_3s_3a_8(41)$	„
23	11	$a_1s_3a_6s_5a_5s_1(21)$	„
24	32	$s_4a_{17}s_1a_7s_{13}a_{11}(53)$	„
25	29	$a_6s_2a_2s_1(a_1s_1)_{12}s_1a_3s_{13}(52)$	„
26	8	$(s_2a_6)_2(s_1a_1)_2a_2(22)$	„
27	30	$s_2a_7s_2a_1s_{10}a_3s_3(28)$	$2m_l$
28a	9	$s_4a_5s_2a_6s_1(18)$	m_l
28b	„	„	$16m_l$
29a	9	$(s_2a_6s_3)_2a_2s_1(25)$	m_l
29b	„	„	$16m_l$
30a	16	$(a_7s_1)_2s_4a_{13}s_2a_{32}s_2(69)$	m_l
30b	„	„	$4m_l$
31	3	$s_1a_1(a_2s_2)_2(a_1s_1)_{13}s_1a_8s_9(53)$	m_l
33a – 33b	3	$a_{12}s_4(a_1s_2)_3(25)$	„
34	16	$s_1a_9s_1(a_3s_3)_9(65)$	„
35	14	$a_1s_2a_2s_2a_2s_1(s_2a_1)_2a_1s_8(25)$	„
36	26	$a_6s_2a_3s_4(15)$	„
37	23	$s_9a_7(s_3a_3)_2s_2(30)$	„

38	16	$s_2a_1s_1(a_3s_3)_4a_7s_3(38)$	„
39	21	$s_8a_2s_4a_8s_3(a_3s_3)_4(a_1s_1)_{30}s_1(110)$	$2m_l$
40	17	$a_1s_2a_3s_4a_1s_5a_3(19)$	m_l
41	13	$(s_4a_1)_2(s_3a_3)_4s_2(a_3s_3)_4s_5a_2(67)$	$16m_l$
42	13	$(s_2a_1)_2(a_2s_2)_2(a_2s_1)_2(a_1s_1)_{29}s_8(86)$	„

Adresse des Verfassers: Guenter.Kroeber@fuxbau.net