

Természet Világa

TERMÉSZETTUDOMÁNYI KÖZLÖNY

146. ÉVF.

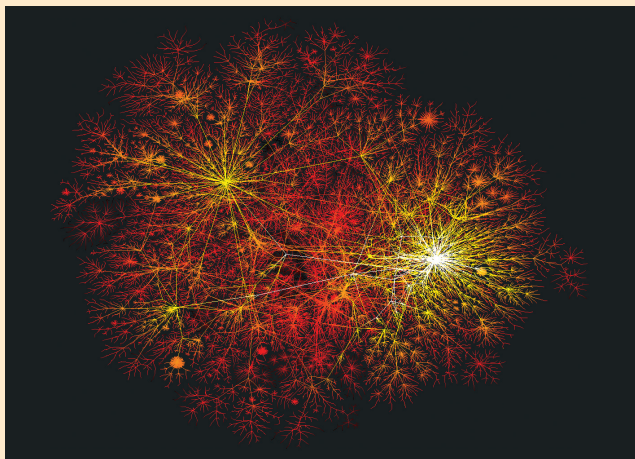
2015. I. KÜLÖNSZÁM ÁRA: 980 FT



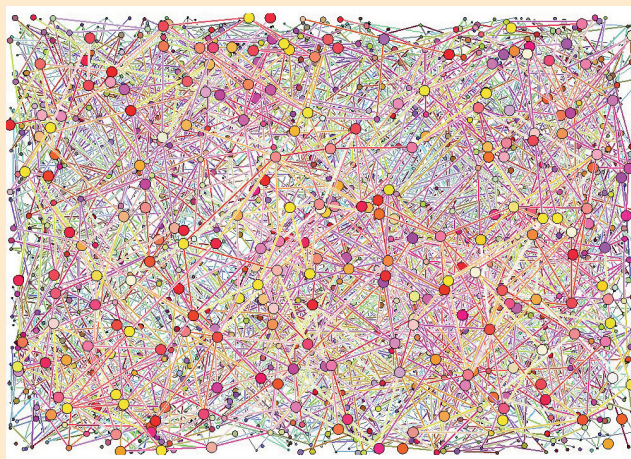
*Hálózat kutatás,
hálózat elmélet*



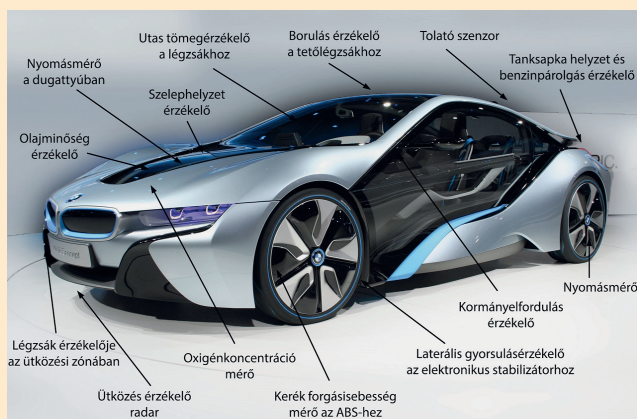
Válogatás különszámunk illusztrációiból



„Pillanatfelvétel” az internetről *(Beszélgetés Barabási Albert-Lászlóval)*



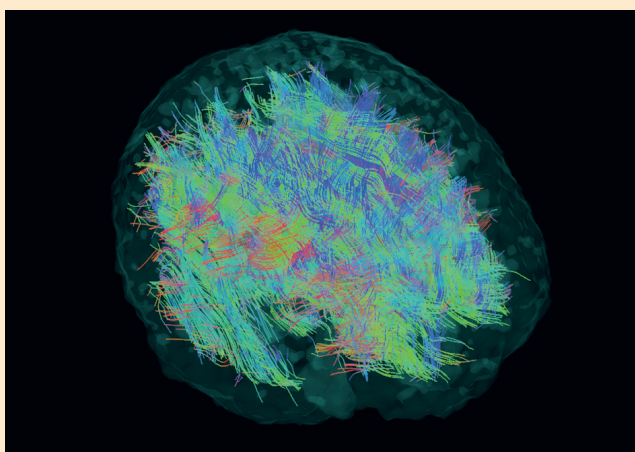
Egy saját programmal generált 3000 csúcspontú gráf (Lovász László: Nagyon nagy gráfok)



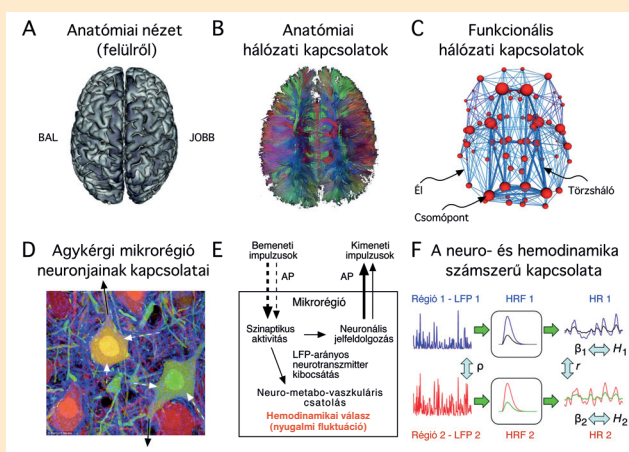
Intelligens autó és az általa használt szenzorok
(Gódor Győző: Szensorhálózatok a mindennapi életben)



A Globális Megfigyelő Rendszer műholdas hálózata – *Forrás: WMO*
(Buránszkiné Sallai Márta–Randriamampianina Roger: Hálózatok, alapszisztemek a meteorológiában. Szerepük az időjárás előrejelzésében)



A traktográfia eredménye: a felderített idegrostok (Szalkai Balázs–Kerepesi Csaba–Varga Bálint–Grolmusz Vince: *Élek és élet. Az agygráf*)



Az agyi funkcionális hálózati kapcsolatok feltárása MRI–diffúziós-képalkotással *(Eke András: Az agy hálózati dinamikája)*

Különszámunk megjelenését az Országos Tudományos Kutatási Alapprogramok (OTKA, PUB-I 113546) támogatta

ΟΙΚΑ

Természet Világa



A TUDOMÁNYOS ISMERETTERJESZTŐ
TÁRSULAT FOLYÓIRATA

Megindította 1869-ben
SZILY KÁLMÁN
KIRÁLYI MAGYAR
TERMÉSZETTUDOMÁNYI
TÁRSULAT

A TERMÉSZETTUDOMÁNYI KÖZLÖNY
146. ÉVFOLYAMA

2015/I. különszám
Hálózat kutatás – hálózatelmélet



Magyar Örökség-díjas
és Millenniumi-díjas folyóirat

Megjelenik az Országos Tudományos
Kutatói Alapprogramok
(OTKA, PUB-I 113546) támogatásával

OTKA

Főszerkesztő:
STAAR GYULA

Szerkesztőség:
1088 Budapest, Bródy Sándor u. 16.
Telefon: 327-8962, fax: 327-8969
Levélcím: 1444 Budapest 8., Pf. 256
E-mail cím: termvil@mail.datanet.hu
Internetcímünk: www.termeszetvilaga.hu

Felelős kiadó:
PIRÓTH ESZTER
a TIT Szövetségi Iroda igazgatója

Kiadja
a Tudományos Ismeretterjesztő Társulat
1088 Budapest, Bródy Sándor utca 16.
Telefon: 327-8900
Hirdetésfelvétel a szerkesztőségben

Nyomtatás:
Pauker Nyomda

Felelős vezető:
Vértes Gábor
ügyvezető igazgató

INDEX 25 807
HU ISSN 0040-3717

Korábbi számok megrendelhetők:
Tudományos Ismeretterjesztő Társulat
1088 Budapest, Bródy Sándor utca 16.
Telefon: 483-2546, fax: 338-4411
e-mail: titlap@telc.hu

Előfizethető:
Magyar Posta Zrt. Hírlap üzletág
06-80-444-444
hirlapelofizetes@posta.hu

Előfizetésben terjeszti: Magyar Posta Zrt.
Árusításban megvásárolható a Lapker Zrt.
árusítóhelyein

TARTALOM

Előszó	2
Hollywood és a sejtek hálója. Barabási Albert-Lászlóval beszélget Silberer Vera	2
Lovász László: Nagyon nagy gráfok	6
Palla Gergely–Barabási Albert-László–Vicsek Tamás: Társas kapcsolatok hálózata	12
Csermely Péter: Hogyan alkalmazkodnak a hálózatok?	15
Papp Balázs–Pál Csaba: Biológiai hálózatok és az evolúció	21
Jordán Ferenc: Biológiai hálózatok a nyáltól a dzsungelig	30
Szalkai Balázs–Kerepesi Csaba–Varga Bálint–Grolmusz Vince: Élek és élet. Az agygráf	35
Szabó Csaba Attila: Digitális multimédia hálózatok. A médiaterjesztés és médiafogyasztás átalakulása napjainkban	38
Bacsárdi László: Biztonságos kommunikáció kvantumalapú hálózatokban	44
Gódor Győző: Szenzorhálózatok a mindennapi életben	49
Buránszkiné Sallai Márta–Randriamampianina Roger: Hálózatok, alaprendszerek a meteorológiában. Szerepük az időjárás előrejelzésében	53
Kovács-Hostyánszki Anikó: Viráglatogatási hálózatok. Növények és beporzók intim kapcsolata	60
Józwiak Ákos Bernard: Mindennapi kenyér – hétköznapi hálózat. Az élelmiszerlánc mint komplex rendszer	63
Szalai Csaba–Antal Péter: Hálózatok vizsgálata betegségekben	68
<i>Különszámunk szerzői</i>	72
Módis László–ifj. Gaál Botond: Makromolekuláris hálózatok az izületi porc és az agy sejtközötti állományában	73
Eke András: Az agyi hálózatok dinamikája	78
Szvetelszky Zsuzsanna: Hálózat nélkül nincs terjedés	83
Barabási Albert-László: Hálózattudomány személyes nézőpontból	86

Címképünk: *Élet és élek (fantáziakép)*

Borítólapunk második oldalán: *Válogatás különszámunk illusztrációiból*

Borítólapunk harmadik oldalán: *Különszámunkhoz ajánlott olvasnivaló*

SZERKESZTŐBIZOTTSÁG

Elnök: VIZI E. SZILVESZTER

Tagok:

ABONYI IVÁN, BACSÁRDI LÁSZLÓ, BAUER GYŐZŐ,
BENCZE GYULA, BOTH ELŐD, CZELNAI RUDOLF, CSABA GYÖRGY,
CSÁSZÁR ÁKOS, DÜRR JÁNOS, GÁBOS ZOLTÁN, HORVÁTH GÁBOR,
KECSKEMÉTI TIBOR, KORDOS LÁSZLÓ, LOVÁSZ LÁSZLÓ,
NYIKOS LAJOS, PAP LÁSZLÓ, PATKÓS ANDRÁS, PINTÉR TEODOR PÉTER,
RESZLER ÁKOS, SCHILLER RÓBERT, CHARLES SIMONYI,
SZATHMÁRY EÖRS, SZERÉNYI GÁBOR, VIDA GÁBOR,
WESZELY TIBOR

Főszerkesztő:
STAAR GYULA

Szerkesztők: KAPITÁNY KATALIN, NÉMETH GÉZA

Tervezőszerkesztő:
HORVÁTH IMRE

Titkárságvezető:
HORVÁTH KRISZTINA

Hálózatkutatás – hálózatelmélet

Olvásóink folyóiratunk 35. különszámát tartják a kezükben. Különszámainkal egy-egy tudományterület jelenlegi helyzetét, frontvonalait igyekszünk bemutatni.

A Természet Világa legújabb különszáma, a Hálózatkutatás–hálózatelmélet napjainkban egyre jobban kibontakozó tudományágot mutat be, más-más nézőpontból. A hálózatelmélet egymástól látszólag távoli tudományterületeket kapcsol össze, különszámunk e sokszínű világba enged bepillantást. A sejt, az internet, a társadalmi háló működése sok közös elemet mutat. Ha az egyiket megértjük, megértjük a másikat is.

Különszámunkban különböző tudományterületek neves szakértőitől – matematikától az orvostudományig, fizikától a biológiáig, kémiától a szociológiáig – közlünk olyan cikkeket, amelyekben a hálózatok problémája, az egyszerű hálós szerkezettől a legbonyolultabb dinamikusan változó, térben és időben rendezett hálózatokkal kapcsolatos tudományos kérdéseket mutatnak be, közérthető formában. Az írások közelebb hozzák az olvasóhoz korunk egyik érdekes és gyorsan fejlődő kérdéskörét, a hálózatelmélet alapjait, bemutatva jelenlétét mindennapi életünkben.

Köszönettel tartozunk az Országos Tudományos Kutatási Alapprogramoknak (OTKA), különszámunk a támogatásukkal jelenik meg.

Megtisztelő számunkra Barabási Albert-László önzetlen segítségadása, hogy hozzájárult a megjelenés alatt álló angol nyelvű könyve bevezető írásának közléséhez.

Köszönjük Rosivall László hathatós segítségét a „hálózatos orvostudomány” különszámunkba illesztéséhez.

Bár a végére maradtak a különszám főszereplői, szerzőink, akikkel kezdhettük is volna a köszönetsort, hiszen nélkülük nem lenne kiadvány, nem lenne hasznos olvasnivaló.

Reméljük, hogy különszámunk írásai a hálózatkutatás iránt érdeklődő minden olvasónak, még e kutatásokban tevékenyen résztvevő, más-más szakterület embereinek is adnak számos átgondolni érdemes újdon-ságot.

Különszámunk tudományterületeket összefogó sokszínűsége összhangban áll Barabási Albert-László jövőbe tekintő gondolatával: „A hálózatkutatás sikerének folytatódása azon múlik, hogy képesek leszünk-e fenntartani a kutatás multidiszciplináris jellegét, lehetővé téve, hogy minden kutató megjeleníthesse saját nézőpontját.”



(Fotó: CEU/Daniel Végel)

Barabási Albert-László a Northeastern Egyetem (Amerikai Egyesült Államok) kiemelt fizikaprofesszora, az egyetem Komplex Hálózatok Kutatóközpontjának igazgatója, a Harvard Egyetem Dana Farber Rákintézetében működő rendszerbiológiai központ munkatársa, a Közép-európai Egyetem Hálózattudományi Központjának professzora. A Magyar Tudományos Akadémia és az Academia Europaea tagja. Az ő elgondolásai vezettek el 1999-ben a skálafüggetlen hálózatok felfedezéséhez. Az egyik legtöbbet idézett fizikus, számos díj kitüntette; a legutóbbi a 2014-es Prima Primissima-díj. Magyarországon is népszerű könyve, a Behálózva tizenegy nyelven jelent meg. Az interjú, amelyből most részleteket olvashatnak, 2004 nyarán készült, a Természet Világa 2005. februári számában jelent meg először:

– Kezdjük a történet elején: Karcfalván, egy kis erdélyi településen született...

– Karcfalva „véletlenül” került bele az életrajzomba. Balánbányán nőttem fel, egy kis bányászvárosban Csíkszentdomokos mellett, Gyergyó és Csíkszereda között félúton, a Nagybagmási lábánál. Balánbányának akkor még nem volt szülészete, a vajúdnőket mindig Karcfalvára vitték. Mi csak rövid időt töltöttünk ott, mert édesanyám nagyon beteg lett, és bevitték minket Csíkszeredába.

Balánbányán jártam először iskolába, onnan a csíkszeredai Márton Áron Gimnáziumba kerültem, be is költöztünk a városba. Matematika–fizika tagozatra jártam, s már az első évtől a fizika sokkal jobban ment, mint a többi tantárgy. A gimnázium végére eldöntöttem, hogy fizikusnak jelentkezem.

Az egyéves katonaság után Bukarestben tanultam tovább. Itt kezdtem el érdeklődni az iránt a terület iránt, amelyiknek egyik „kinövésével” ma is foglalkozom. Akkoriban Magyarországon rendszeresen fordították a *Scientific American* című folyóiratot, ami *Tudomány* címmel jelent meg.

Édesapám megszerezte nekem a lap számait, és az egyikben láttam Len Sandertől egy csodálatos cikket arról, hogy a kis részecskék miképpen mozognak, ragadnak össze és hoznak létre gyönyörű mintázatokat. Amikor elolvastam, azt mondtam, „ilyet én is tudok csinálni”. Neki is láttam a programozásnak, a képződmények szimulálásának. Azután eljöttem Magyarországra turistaként, és megkerestem Vicsek Tamást. A *Tudomány* cikkében a Vicsek-fraktál is szerepelt; gondoltam, ha itt a téma világhírű szakértője, beszéljek vele.

Egy budapesti könyvesboltban talákoztam a *Káosz* című könyvvel, amelyet Tél Tamás és Szépfalussy Péter szerkesztett. Talán az első magyar nyelvű munka volt a káoszról. Megvásároltam, elolvastam, és úgy döntöttem, „ezt én is tudnám csinálni”. Másodéves hallgató koromban a fraktálok-ról áttértem a káoszra. Írtunk egy cikket az egyik tanárommal, amely megjelent egy elég jó nyugati lapban. Romániában a nyugati publikáció – különösen diákként – akkoriban szokatlan volt. 1989 nyarán – még a változások előtt – édesapámnak el kellett jönnie Erdélyből, s én is vele tartottam.

Hollywood és a sejtek hálója

Beszélgetés Barabási Albert-Lászlóval

Vicsek Tamásnál folytattam a munkát, visszatértem a fraktálokhoz. Két évvel később, mire befejeztem a diplomamunkámat, írtunk vagy tíz cikket, és az ő ajánlásával jutottam el Stanley professzorhoz Bostonba, akinél három év után doktoráltam. Tőle az IBM-hez kerültem egy évre. Az IBM-nek van egy elefántcsonttorony-szerű intézménye, a Watson Research Center. Ide igyekeztek felvenni az ő szempontjukból legjobb végzősöket, és nem írták elő, milyen kutatást folytassunk. Elméleti fizikai csoportba kerültem, kaptam egy szobát meg egy számítógépet.

Egy darabig a korábbi, felületnövekedéssel kapcsolatos kérdéseket vizsgáltam, néhány hónap után azonban arra gondoltam, most már ideje volna konyítani ahhoz, amivel az IBM foglalkozik. Elmentem a könyvtárba karácsony előtt, és kivettem egy kötetet, talán az volt a címe, hogy *A számítógép-tudomány ötven problémája*.

Ekkor találkoztam először a hálózatok kérdésével. A számítógép-tudományban a hálózat sok szinten felmerül: egészen onnan, hogy a mikroprocesszor hogyan van huzalozva, addig, hogy az internetnek milyen a szerkezete, bár akkor ez még nem volt komoly kérdés. Újabb munkákat is elolvastam, közben állást kaptam a Notre Dame-i Egyetemen, de a hálózatokról való gondolkodás megmaradt bennem. Kiderült, hogy szakterületemen, a statisztikus fizikában addig senki sem foglalkozott érdemben a hálózatok kérdésével.

Akkor még New Yorkban laktam. Egy este végigsétáltam Manhattan utcáin, és azon gondolkodtam, milyen temérdek huzal futhat az út alatt. A vizet, a villanyt, a gázt el kell juttatni a felhőkarcolókba, és ehhez hihetetlenül bonyolult hálózatot kell működtetni. Ez a rendszer tartogat valamit a számomra, hiszen évek óta azt próbálom megérteni, hogyan jelenik meg a rend a rendezetlenségből.

A hálózatok terén a legfontosabb munkák a matematikából jöttek, Magyarországról. Erdős Pál és Rényi Alfréd vetette fel a véletlenszerű hálózat gondolatát, amelyben a csomópontokat véletlenszerűen kötjük egymáshoz. Ez gyönyörű, nagyon népszerű elmélet, de a felhőkarcolókban levő számítógépek nem lehetnek véletlenszerűen egymáshoz kapcsolva, mert akkor nem működne a rendszer. A bonyolult hálózatok leírása – ami a valóságot illeti – nagyon kezdetleges volt.

Miután a Notre Dame-i Egyetemre kerültem, be kellett indítanom egy kutatócsoportot, pénzt kellett szereznem. Elég nyilvánvaló volt, hogy a hálózatokból ez nem megy. Még az IBM-nél írtam egy hálózatok viselkedéséről szóló cikket, de visszatásították. A Notre Dame-i Egyetemről is beküldtem az írást három különböző laphoz – egyik sem közölte. Senki sem mondta, hogy rossz, de a bírálatok összességéből az derült ki, ezzel a kérdéssel nem érdemes foglalkozni. Így a Notre Dame-en anyagtudományi csoportot hoztam létre a felületi tulajdonságok vizsgálatára. Négy év múlva, amikor minden nagyjából olajozottan ment, az egyik diákomnak, Albert Rékának azt mondtam: „Te már megengedheted magadnak, hogy abbahagyd kicsit ezt a kutatást, álljunk rá most a hálózatokra. Valószínűleg sokáig nem lesz neves publikációnk, mert az embereket nem érdekli ez a kérdés, de próbáljuk meg.” Kiderült azonban, hogy a tudományos közösség ekkor már készen állt a hálózatok vizsgálatára.

– *Ez mikor volt?*

– Talán '98-ban kezdtünk el Rékával együtt gondolkodni.

– *És '99-ben megjelentek a cikkeik...*

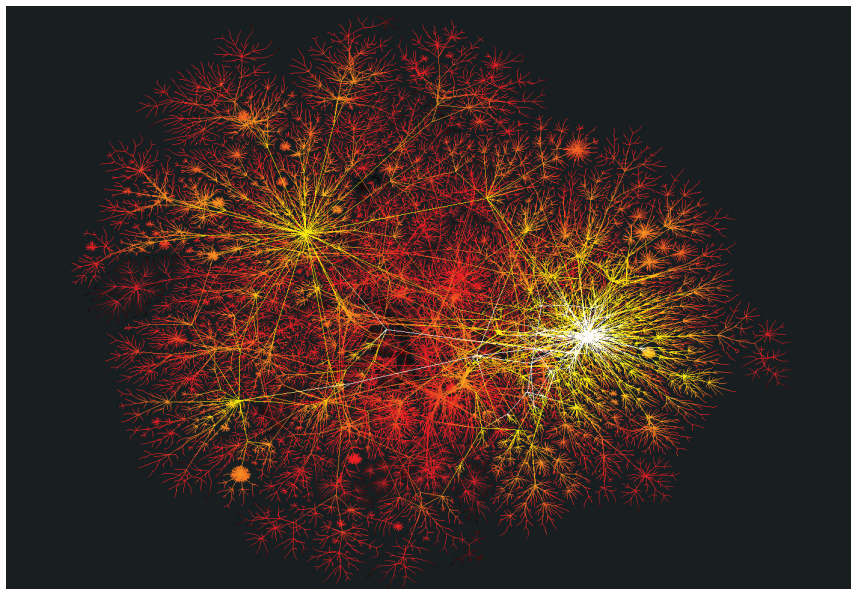
– Korábban volt egy cikkünk Rékával a *Nature*-ben, amely a világ legjelentősebb tudományos lapja. Mondtam Rékának, ne

várja, hogy a hálózatokból *Nature*-cikke legyen. A következő öt cikkünket mind a *Nature* jelentette meg...

Kulcsfontosságú volt számunkra, hogy ekkor már tudtuk mérni a hálókat. Ezt egy koreai srácnak, Hawoong Jeongnak köszönhetjük. Egy este besétáltam a laborba, és megkérdeztem tőle, nem tudna-e olyan programot írni, amellyel feltérképezhetnénk a világhálót. Ez azt jelentette, hogy el kellett menni egy bizonyos oldalra a világhálón, meg kellett nézni, milyen oldalakra lehet onnan eljutni, el kellett menni ezekre az oldalakra is, majd meg kellett nézni, hova lehet ezekről eljutni, és így tovább. Jeong megírta a programot, és az ő térképe adta számunkra az első jelzést, hogy a valódi hálókból olyan struktúrák vannak, amelyek a véletlen hálókból nem jelennek meg, sőt a kettő drasztikusan különbözik egymástól.

A véletlen hálókból – amiatt, hogy a csomópontokat véletlenszerűen kapcsoljuk össze – „demokratikus rendszer” alakul ki, amelyben a legtöbb csomópontba ugyanannyi huzal fut be. Ha például elképzeljük, hogy egy ilyen háló a társadalmat írja le, ahol a csomópontok az egyének és a huzalok az emberek közötti kapcsolatok, akkor egy Erdős–Rényi-féle világban megjelenne a demokrácia. A legtöbb embernek nagyjából ugyanannyi ba-

„Pillanattfelvétel” az internetről



rátja lenne, nagyon kevésnek lenne csak sokkal több vagy sokkal kevesebb. A világhálón ez nem így van: a legtöbb oldalra csak nagyon kevés más oldal mutat, ezek tehát majdnem láthatatlanok, néhány oldalra pedig majdnem mindenki rámutat. Azt, hogy hány olyan oldal van, amelyre majdnem senki sem mutat, és hányra mutatnak rengetegen, hatványfüggvénnyel írhatjuk le. Ilyen hatványfüggvény-eloszlású háló addig nemigen létezett a hálózatokról való gondolkodásban. Az erről írt cikkünk '99-ben jelent meg.

– Ezt nevezik skálafüggetlen hálónak?

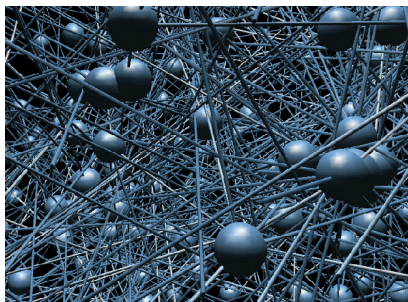
– Igen, de itt még nem használtuk ezt az elnevezést, csak a következő cikkben. Mert az elsőt az volt a kérdés, egyáltalán létezik-e ilyen háló. A következő kérdés az volt, miért jelenik meg néhány nagy csomópont.

Közben Rékával elkezdtünk nézni más hálókat is, például a színészek közötti kapcsolatokat. Ha két színész együtt játszott, a rendszerünkben volt közöttük egy huzal. Egész Hollywoodot fel lehetett így térképezni, és láttuk, hogy ugyanaz a törvényszerűség jelenik meg, mint a világhálón. A legtöbb színésznek csak egy-két másik színésszel volt kapcsolata, de néhány több ezer partnerrel játszott együtt. Vizsgáltuk a hivatkozási hálót is – kiderült, hogy az is hatványfüggvényt követ: a legtöbb cikkre csak néhány ember hivatkozik vagy senki, de van néhány, amelyre rengetegen hivatkoznak; ezek a roppant népszerű publikációk.

A három példa láttán nagyon komolyan kezdtem gondolkodni azon, hogy milyen törvényszerűség állhat mögöttük. Ekkor merült fel a skálafüggetlen háló kifejezés. A skálafüggetlen szó lényegében onnan jön, hogy az Erdős–Rényi-féle hálónak van egy belső skálája, éspedig az, hogy a legtöbb embernek ugyanolyan számú ismerőse van, például ezer vagy ezeröttszáz. Körülbelül ezer emberrel vagyunk kapcsolatban valamilyen módon, kezdve a sarki zöldségestől a kollégáig, az orvosig, az újságárusig. A demokratikus hálóban a legtöbb ember egyforma, és megjelenik egy karakterisztikus „barátszám”: a rendszernek van egy belső skálája. A skálafüggetlen hálókban azonban nincs ilyen belső skála, egyetlen csomóponttól sem mondhatjuk, hogy jellemző a rendszerre. Innen jön a skálafüggetlen kifejezés, de használhatnánk a skálagazdag hálózat elnevezést is.

– Hozzásegítenek a hálózatok a komplex rendszerek megértéséhez? De előbb inkább azt kérdezném: mit nevezünk komplex rendszernek?

– A komplexitás nagyon tág fogalom, és a különböző területek másként értelmezik. A szociológusok más komplexitásképet használnak, mint a fizikusok vagy a matematikusok. A köznap életben gyakran a bonyolult rendszereket nevezik komplex rendszereknek. Ha valami bonyolult, még nem feltétlenül komplex. Mit szeretnénk komp-



A baráti kapcsolatok hálója Canberrában

lex rendszeren érteni? Olyan rendszert, legalábbis a fizikán belül, amelynek bizonyos tulajdonságai nem következnek nyilvánvalóan a részelemek felsorolásából. Abból, hogy ismerem az összes atomot a rendszerben, nem nyilvánvaló a rendszer viselkedése. Hiába tudom esetleg mindenkinek a nevét, még fogalmam sincs, hogyan működik a társadalom. A kölcsönhatások során megjelennek olyan tulajdonságok, amelyek túlmutatnak a részek tulajdonságain. Mindez nagyon tág definíció. Ezért a komplex rendszerek elmélete identitászavarral küszködik.

Egy ideig a fraktálok álltak a komplex rendszerek elméletének középpontjában. Ma nem gondoljuk azt, hogy a fraktálok választ adnak a komplexitás kérdéseire. Azután jött a kaoszelmélet. Nagyon fontos, nagyon érdekes terület, de semmiképpen sem választ a komplexitásra. A kaosz abból a kiindulópontból közelítette meg a komplexitást, hogy a nagyon bonyolult viselkedés nagyon egyszerű elemek kapcsolatából származik. Ha három bolygó mozog egymás gravitációs terében, bekövetkezik a kaotikus viselkedés. Semmi egyéb nem kell hozzá, mint Newton törvényei és három test. Tehát a kaosz alapgondolata az, hogy mindazt a bonyolultságot, amit magunk körül látunk, vissza lehet vezetni nagyon kis számú játékos nemlineáris kölcsönhatására. De például Steven Strogatz, aki a kaosz elméletének egyik fontos kutatója, néhány évvel ezelőtt a kaosz haláláról szeretett volna könyvet írni (az ügynöke lebeszélte róla). Miért ötlött fel ez a gondolat? Mert a kaoszt minden ígérete mellett sem sikerült felismerni úgy, ahogy szeretttük volna. A kaotikus rendszerre rengeteg példa van a természetben, de nem gondoljuk, hogy a természet alapvetően kaotikus. A kaosz nem alakult át olyan paradigmává, amely a rendszerek megértésére általánosan használható. Nagyon fontos, de tovább kell lépünk, mert valami még hiányzik.

Lehet, hogy nem a hálózat adja meg a választ, de eddig hiányzott a képből. Minden rendszernek, amelyet az utcán sétáló ember is komplexnek nevezne – ilyen például a társadalom, az internet, az élő sejt, az emberi test –, van egy érdekes tulajdonsága:

rengeteg, nagyon jól megkülönböztethető elemet tartalmaz. Például a sejteket gének alkotják, és mindegyiket meg lehet nevezni; harmincezer gén van egy emberben. A társadalom hatmilliárd emberből áll, mindenkinek neve, telefonszáma, lakcíme van, meg lehet különböztetni őket. Az interneten több millió számítógép van, mindegyik pontos címet kapott, megtudhatjuk, hol található.

Ez a rengeteg elem valamilyen módon kölcsönhat egymással. Nem mindenki mindenkivel, hanem nagyon jól meghatározott módon. Nekem van, mondjuk, ezer ismerősöm, ötvenet azonnal fel tudok sorolni, százat nehezebben és így tovább. Nem hatmilliárd emberrel állok kapcsolatban. A sejtben egy molekula, tegyük fel, tíz másik molekulával reagál, ha a többihez közel kerül, észre sem veszi, elmegy mellette. A jól megkülönböztethető elemekből álló rendszerekben a csomópontok egy hálón keresztül kommunikálnak egymással; mindegyik rendszer mögött hihetetlenül bonyolult hálózat van. De ha megnevezzük az elemeket, még semmit se tudunk a hálózatról. Képzeljük el, hogy a társadalmat a hálózat nélkül próbáljuk leírni. Hogyan állapítjuk meg egy hír vagy egy pletyka terjedését, ha nem tudjuk, ki kit ismer? Hogyan írjuk le, mekkora forgalma van egy bizonyos csomópontnak az interneten, ha nem tudjuk, ki kivel áll kapcsolatban? Hogyan próbáljuk megérteni, egy sejt miképpen lesz rákos, ha nem tudjuk, milyen molekulák reagálnak egymással, melyik gén hol kapcsolódik felre, mi romolhatott el ezekben a kapcsolatokban?

Annyit megértettünk az utóbbi néhány évben, hogy hihetetlen mennyiségű információ áll rendelkezésre ezekről a komplex rendszerekről, ami egyszerűen ott csapódik le, hogy ki kivel áll kapcsolatban. Utólag visszatekintve, ezt akár triviálisnak is tarthatjuk: találtunk egy hálózatot, na bumm. Mi tartja mégis izgalomban a tudományos közösséget? A hálók belső törvényszerűsége. A sejt, az internet, a társadalmi hálók működése rengeteg közös elemet mutat. Ha az egyiket megértjük, megértjük a másikat is. Itt bizonyos univerzalitással állunk szemben, mintha kiderülne, hogy néhány alapvető törvényszerűség leír olyan különböző rendszereket, amelyeket korábban nem is próbáltunk egy napon emlegetni.

Képzeljük el, hogy a biológusok hosszú évek munkája nyomán adnak nekünk egy térképet a sejtről, amelyben minden molekula és minden huzal benne van. Már létezik ilyen térkép például az *E. coli*-ról. Képzeljük el azt is, hogy egy szociológustársaság készít nekünk egy társadalmi hálót; valamilyen módon feltérképezi, hogy ki kit ismer. Vagy egy telefontársaság élénk tárja az információit. És képzeljük el, hogy a számítógépes emberek készítenek három térképet. A sejtben néhány ezer molekula van

több ezer huzallal, a társadalmi hálóban hatmilliárd csomópontot köt össze több trillió huzal, a számítógépes rendszerben három-négyszázezer csomópontoz tartozik néhány millió huzal. Minőségileg különböznek a csomópontok, a huzalok, az együttesek.

Tegyük le a térképeket egymás mellé – semmi közük nincs egymáshoz –, és kezdjük el mérni a tulajdonságaikat. Kiderül, hogy a legtöbb mérhető tulajdonság ugyanaz.

Gondoljunk végig néhány szervezési törvényt. Mindegyik rendszerben kimutatható a skálafüggetlen viselkedés, tehát rengeteg kicsi csomópont össze van huzalozva néhány nagy csomópont által, ezek tartják össze a rendszert – kis világok születnek.

Bármelyik két csomópont között találunk egy nagyon rövid utat, tehát bármelyik két ember között kapunk egy öt-hat, esetleg két-három kézfogásos útvonalat. Ez azt jelenti, hogy Sándor ismeri Pétert, Péter ismeri Máriát, Mária ismeri Tóbiást és így tovább. Ezt nevezzük második szervezési törvénynek.

Újabb tulajdonság a csoportok kialakulása. Bármelyik hálót nézzük, azt látjuk, hogy vannak olyan csoportosulások, ahol nagyobb valószínűséggel kapcsolódnak egymáshoz a csomópontok, mint egyébként. Tehát vannak baráti körök a társadalomban; vannak bizonyos funkciókkal rendelkező molekulák a sejten belül, amelyek majdnem mind reagálnak egymással; egy intézményen belül vannak olyan számítógépek, amelyek valamilyen módon össze vannak kötve. Ezek a kis csoportok nagyobb csoportokhoz szerveződnek, amelyek lazábban kapcsolódnak, ezek a csoportok még nagyobb együtteseket alkotnak és így tovább. Ha megnézzük egy egyetemet, azt látjuk, hogy az ugyanolyan tanszéken dolgozó emberek gyakran beszélnek egymással. A tanszékcsoportban a tanszékek között még van kommunikáció, de nem olyan sűrű, mint egy tanszéken belül, s az egyetem különböző tanszékcsoportjai között még ritkább a kommunikáció. Létrejön a hierarchia. Ez benne van mindegyik hálóban: a számítógépes, a társadalmi hálóban és a sejtben. Tehát a modularitás, a csoportok kialakulása is szerves része a hálónak. Mondhatjuk, hogy ez a társadalomban természetes, de miért természetes a sejtben? Ezeknek a csoportoknak a kialakulását harmadik szervezési törvénynek nevezzük.

A törvényeknek vannak következményei. Kiderül például, hogy a nagy csomópontok mindegyik rendszerben azért jönnek létre, mert a háló kialakulásának belső törvényszerűsége van. Ezek a hálók sem egyszerűen a semmiből jelennek meg, hanem a növekedés során épülnek fel. Ma ez a megállapítás elég triviálisnak tűnik, de az, hogy a hálót növekedő és állandóan válto-

zó dinamikus rendszerként kell felfogni, nem volt része a hálózatokról való gondolkodásnak. Erdős és Rényi modelljében nincs benne; az statikus képet ad. Mi vezettük be, hogy a hálózatot növekedő rendszernek kell tekinteni. Állandóan újabb csomópontok jelennek meg és kapcsolódnak a meglévő csomópontokhoz, s az új csomópont nem véletlenszerűen választ partnert, hanem szívesebben kapcsolódik a „népszerűbb” csomópontokhoz, mint a kevesebb kapcsolattal rendelkezőkhöz. Könnyebben megismerkedünk egy nagyon népszerű emberrel, mert rengeteg ismerőse van, és nagyobb a valószínűsége, hogy van egy közös barátunk, aki bemutat neki, mint azzal az emberrel, akinek csak egy barátja van.

– Egy miniszterrel nehezen ismerkedem meg.

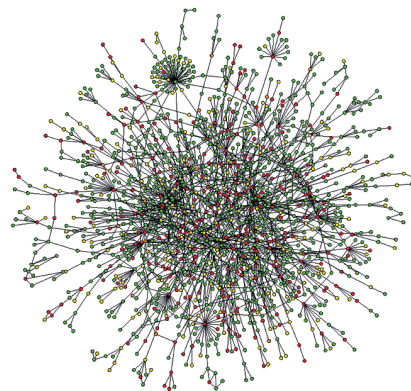
– De sokkal könnyebben, mint a falu végén lakó Pali bácsival. Itt felmerül egy másik elem is, az erős csomópontok tragédiája: nagyon kevés idejük van. Ez korlátozza az értelmes kapcsolatok kiépítését.

Statisztikus szinten a kapcsolatok terjedése mérhető, ha tudjuk követni a háló növekedését – ismerjük a huzalok megjelenésének idejét. Ilyen például a színészháló. Tudjuk, hogy a filmeket mikor készítik, két színésznek mikor kellett a legkevesebb kapcsolatba kerülnie. Ha az a huzal, hogy két színész együtt játszott egy filmben, kapunk egy adatbázist, amelyben benne van az összes hollywoodi film az összes szereplővel és évvel. Ennek alapján követhetjük például Charlie Chaplin szakmai ismeretségi körének növekedését.

– Mi a mérőeszköz, a számítógép?

– Igen. Annak, hogy a hálózattudomány most robbant, óriási köze van a számítógéphez és az internethez, de nem azért, mert az internet a kutatás célja, hanem azért, mert az internet eszköz a kutatásban. A hálózatok tanulmányozásához szükség van a térképekre. Manapság majdnem minden tevékenységünket rögzíti a számítógép: munkába megyünk, telefonálunk, pénzt veszünk ki a bankból. Az elmúlt öt évben a hálózatkutatók megfogták ezeket az adatbázisokat, amelyeket teljesen más céllal építettek ki. A színészek adatbázisát nem azért hozták létre, hogy a szereplők közötti kapcsolatokat vizsgáljuk, hanem azt akarták megtudni, melyek voltak a jó és melyek a rossz filmek, kik játszottak bennük. Ezeket a rendszereket hálózatként értelmeztük: azt mondtuk, hálózattérképet tartunk a kezünkben, és ennek segítségével nagyon értelmes kérdéseket tudunk feltenni arra, hogy miként alakult ki a hálózat.

A hálózattérképek készítésekor ma sem a hálózatot tartják szem előtt. Például mi írtunk először a sejtbeli háló tulajdonságairól. A biológusok körülbelül 150 éve vizsgálják az anyagcserét. Meghatározták, milyen reakciók vesznek részt a sejt anyagcseréjében. Mi megnéztük ezt a rendszert,



A fehérje-kölcsönhatások térképe

és azt mondtuk: tekintjük a sejtet hálózatnak. Láttuk a skálafüggetlen tulajdonságokat: ugyanazok a törvényszerűségek, amelyeket az interneten egy évvel korábban megfigyeltünk, itt is megjelentek.

Ma már minden biológus egyetért arról, hogy a következő húsz év biológiája a hálózat biológiája lesz. A térképekben rejlik majd minden a depresszió orvosságától a mellékhatásmentes gyógyszerekig. Abban természetesen eltérnek a vélemények, hogy milyen jók lesznek a térképek, mennyi idő alatt készülnek el, hogyan értelmezzük őket, kinek a tulajdonába kerülnek, milyen gyorsan dolgozzuk fel őket az egyes emberek esetében, hogyan készítünk gyógyszereket a térképek felhasználásával. Az NIH, az Egyesült Államok orvostudományi kutatásokat támogató intézménye a következő évtized legfontosabb kérdésének a hálózatot tartja. Ez nem csak elvi kérdés: a mozgítható forrásokat mind ebbe az irányba terelték. Persze, az AIDS-kutatást nem szabad abbahagyni, folytatni kell a rákkutatást, de ami az új irányokat illeti, a térképek készítése, értelmezése a nagy cél.

– Mekkora ebben az önök érdeme?

– Ahhoz, hogy a biológusok felismerték a hálózatkutatás fontosságát, semmi közünk sincs. Talán minden túlzás nélkül mondhatom, hogy mi tanulmányoztunk legelőször valódi biológiai hálózatot, és megmutattuk, hogy belső törvényszerűségei vannak. 2000-ben jelent meg az ezzel kapcsolatos tanulmányunk. Az ISI, a hivatkozásokkal foglalkozó kutatóintézet az elmúlt időszak egyik leghivatkozottabb interdiszciplináris cikként emelte ki. Ennek mindenképpen szerepe volt abban, hogy a biológustársadalom most nagyon komolyan gondolja a hálózatokat. Egyelőre még sokan nem értik, hogyan használhatók fel a törvényszerűségek az orvosságok előállításához, de kezdik felismerni – ennek a cikknek a nyomán is –, hogy vannak belső törvényszerűségek, és vannak eszközök, amelyekkel tovább lehet lépni.

Az interjút készítette:
SILBERER VERA

Nagyon nagy gráfok

A tudomány és a technika világában igen sok struktúrát, jelenséget írunk le hálózattal, matematikai kifejezéssel *gráffal*, és ezek a gráfok igen nagy méretűek lehetnek. Lássunk néhány példát!

Az internet talán a leglátványosabb – és különösen érdekes abból a szempontból, hogy teljes mértékben ember alkotta objektum. Igazából az internet leírásához különböző gráfokat használunk. Az internet fizikai struktúráját leíró *internet-gráf* csúcsait a különböző elektronikai eszközök (számítógépek, routerek, nyomtatók stb.) alkotják, a csúcsokat összekötő éleket pedig a köztük fennálló összeköttetések (kábelek, rádiókapcsolatok). Az internet logikai struktúráját leíró *világháló-gráf* (web-gráf) csúcsai a világhálóról elérhető lapok, élei pedig az egyik lapról a másikra mutató hiperlinkek.

Ezek a gráfok igen nagyok, milliárdnyi csúcsuk van, és hiába ember alkotta objektumok, a világháló vagy az internet pontos struktúráját igen nehéz leírni.

A hálózatokról az *elektromos hálózatok* jutnak eszünkbe, és ezek között is vannak hatalmas méretűek: például, a csipek, az integrált áramkörök, melyek több százezer tranzisztorból állnak. Ezek – az internettel ellentétben – nem spontán módon, lokálisan növekednek, hanem teljes mértékben ember tervezte objektumok. Mégis, ha ezeknek a gráfoknak kicsit is bonyolultabb tulajdonságát akarjuk vizsgálni, akkor igen nagy nehézségekbe ütközünk.

A legnagyobb gráfok talán a *statisztikus fizikában* fordulnak elő. Egy kristály atomjai olyan gráf csúcsainak tekinthetők, melynek mintegy 10^{27} csúcsa van. Egy teljesen szabályos kristály esetén ez a gráf unalmas: szabályosan ismétlődő rács. De a valóságban hibák és szennyezések fordulnak elő, amelyek a szabályosságot megtörik, és a gráf mindjárt „érdekes” válik.

Az emberi társadalom jelenségeinek tanulmányozásához különböző *társadalmi hálózatokat* lehet bevezetni. Például definiálhatunk egy gráfot, melynek csúcsai az emberek, és két csúcs akkor van összekötve, ha az emberek ismerik egymást. Ennek a hálózatnak tehát csaknem 8 milliárd csúcsa van, és gráfelméleti tulajdonságai (például az, hogy mennyire összefüggő) kihatással vannak a betegségek, eszmék, gének terje-

désének gyorsaságára. Igen ismert és meglepő eredmény, hogy ennek a gráfnak az *átmérője legfeljebb 6* (Stanley Milgram amerikai pszichológus 1967-ben végzett vizsgálatának eredménye mára szállóigévé vált: „six degrees of separation”). Eszerint bármely két embert is tekintünk, mondjuk egy mexikói földművest és egy orosz olajmunkást, akkor az egyik ismerősének az ismerősének ... (6 lépés) ... ismerőse lesz a másik. (Egy megjegyzés, ami a későbbiekben fontos lesz: ez nem matematikai tétel, hanem megfigyelés. Ennek megfelelően lehetnek kivételek, mondjuk lehet még olyan indián törzs az Amazonas dzsungleiben, amely eddig elkerülte a „civilizációval” való találkozást. Az állítás az emberek túlnyomó többségére igaz.)

Sok más társadalmi hálózatot is vizsgálunk: betegségek terjedése, genetikai rokonság, vagy akár itt említhető az ún. *Erdős-gráf*: csúcsai a kutatók, és akkor vannak ketten összekötve, ha van közös publikációjuk. (Erdős Pál, a XX. századi matematika egyik óriása, aki igen sokat dolgozott együtt másokkal, és nagyon sok társszerzője volt; az ő környezetében kezdték megrajzolgatni az Erdős-gráfot, innen kapta a nevét.)

Hasonlóan nagy hálózatokkal lehet leírni ökológiai rendszereket, vagy egy szervezeten belüli enzimek, hormonok kölcsönhatásait. A biológia és az orvostudomány sarkalatos kérdése az agy leírása és működésének megértése. Az idegsejtek által alkotott hálózat az egyik legnagyobb gráf, amit az élő természet produkált, és gráfelméleti tulajdonságai (összefüggősége, a kapcsolatok véletlen vagy meghatározott jellege) magukban is igen fontos és nagy részben megoldatlan kérdések.

Mit lehet kérdezni?

Játsszunk el azzal, hogy milyen kérdést is tehetünk fel egy nagyon nagy gráfról. Gondoljunk például az internetre. Aki tanult gráfelméletet, emlékezzen vissza arra is, hogy milyen tulajdonságok vizsgálatával kezdődött a tananyag. Tegyük fel a következő három alapvető kérdést egy gráfról (persze sok más is lehet kérdezni, és érdemes elszórakozni azon, hogy az eszünkbe jutó kérdések értelmesek-e pl. az internet-gráfról).

Páros számú pontja van-e a gráfnak? Ez a gráfnak fontos, sok gráfelméleti kérdés-

ben szerepet játszó tulajdonsága. Például az alábbi tételt szokás a „Gráfelmélet első tételé”-nek is nevezni: *Ha egy gráf csúcsainak száma páratlan, akkor van legalább egy páros fokú csúcsa.* (Egy csúcs *foka* a csúcsra illeszkedő élek száma.)

Van-e értelme azzal foglalkozni, hogy az internet csúcsainak száma páros-e vagy páratlan? Nyilvánvalóan nincs: bármely másodpercben lesz sok-sok gép, amit kikapcsolnak, vagy új gép, amit bekapcsolnak, tehát a válasz másodpercről másodpercre változik. De még ha rögzítenénk is egy időpontot (mondjuk 2005. december 11-én 20 óra 26 perc 34 másodpercet, nyugat-európai idő szerint), akkor sem lehetne egy-egy gép bekapcsolásának időpontját annyira pontosan megállapítani, hogy a kérdésnek értelme legyen.

Hány éle van a gráfnak? Első ránézésre, ennek a kérdésnek sincs több értelme, hiszen itt is másodpercről másodpercre változik a szám. De persze ez a szám csak körülbelül érdekel minket! Ha a válasz csak (mondjuk) 1% pontossággal akarjuk tudni, akkor ez már tökéletesen értelmes kérdés, az internet élszáma csak napok alatt változik 1%-nyit. Még stabilabb – és ezért értelmesebb – kérdést teszünk fel, ha az egy csúcsra eső élek számát, vagyis az átlagos fokszámot kérdezzük. Ez a szám évek alatt változik csak lényegesen.

Összefüggő-e a gráf? Megint úgy látszik elsőre, hogy ez is értelmetlen kérdés, vagy inkább nyilvánvalóan nemleges válasza számíthatunk: ha valahol a világon egy router elromlik, néhány gép internetkapcsolat nélkül marad, tehát az internet nem lesz összefüggő. Lehet azonban komolyabb probléma is az összefüggőséggel: mondjuk, egy különlegesen erős napkitörés, és egy ezzel egybeeső cunami nyomán előfordulhatna, hogy Eurázsia és Amerika között megszűnik az internet-kapcsolat. Ekkor nem néhány gép szakad le a rendszerről, hanem maga a rendszer esik szét. (Vagy az „ántívilágban” lehetett volna egy kapitalista és egy szocialista internet is...)

Ha a különbséget pontosabban meg akarunk fogalmazni, azt mondhatnánk, hogy csak azt tekintjük összefüggőség-hiánynak, ha a rendszer két olyan részre esik szét, melyek mindegyike a csúcsoknak legalább egy százalékát tartalmazza. (A küszöböt persze önkényesen választottuk, lehetne pl. egy ezelék is.) Azt is érdemes megjegyezni, hogy akkor is szétesettnek tekintenénk

a rendszert, ha volna azért egy igen kis kapacitású kapcsolat (mondjuk katonai vagy kormánycsatorna) a két rész között.

A gyakorlatban ennél bonyolultabb kérdéseket is szeretnénk megválaszolni: milyen gyors egy keresőalgoritmus? Milyen gyorsan terjed el az interneten egy vírus? Ezeknél a kérdéseknél már nemcsak az a gond, hogy az internet túl nagy: sokkal kisebb gráfon sem könnyű őket megválaszolni, gyakran csak kísérletezéssel, szimulációval kaphatunk feleletet.

Véletlen gráfok

Ha egy nagyon nagy gráf tulajdonságait akarjuk vizsgálni (mondjuk, milyen sűrűn vannak benne a háromszögek, vagy hány lépésben lehet egyik csúcsuból a másikba eljutni), akkor jó lenne kisebb, de hasonló gráfot, „modellt” konstruálni. Olykor ez természetesen adódik (például egy kristályrács helyett vizsgálhatunk egy sokkal kevesebb sorból és oszlopból álló rácsot), máskor azonban nem nyilvánvaló, hogyan lehetne egy hatalmas gráfot úgy lekicsinyíteni, hogy fontos tulajdonságai ne változzanak meg.

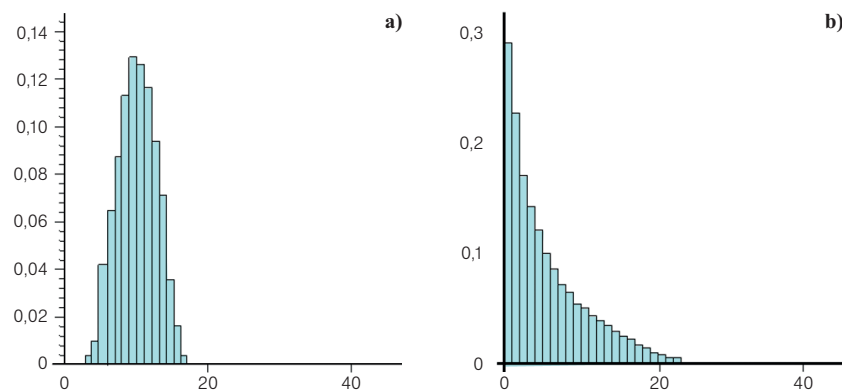
Mivel sok, való életbeli gráf növekedésében a véletlennek nagyon nagy szerepe van, felvetődik, hogy hasonló véletlen eljárással készítsük el a modellt is. Ez vezet el minket a *véletlen gráfokhoz*. Nagyon sokféleképpen generálhatunk véletlen módszerrel gráfot. Kezdjük a legegyszerűbb, és legtöbbet vizsgált modellel!

Az Erdős–Rényi-modell

Ezt a modellt Erdős Pál és Rényi Alfréd vezette be az 1960-as évek elején írt úttörő cikksorozatokban. A modellt két számmal lehet leírni: egy n természetes számmal és egy p valós számmal, melyre $0 < p < 1$ teljesül. Rögzítünk n csúcst, és bármely két csúcst – egymástól függetlenül – p valószínűséggel kötünk össze. ($p = 1/2$ esetben így fogalmazhatunk: minden csúcspárhoz feldobunk egy forintot, és akkor kötjük össze őket egy éllel, ha fejet látunk.)

Az n szám tehát a csúcscok száma; a p számot *élsűrűségnek* nevezzük. Az élek várható száma $pn(n-1)/2$, és ha n elég nagy, akkor (a nagy számok törvénye alapján) nagy valószínűséggel körülbelül ennyi lesz az élszám. A p paraméter választásával tehát „beállítjuk”, hogy hány éle legyen a véletlen gráfnak.

Az Erdős–Rényi modellt igen sokat vizsgálták, mert érdekes tulajdonságai vannak. (Itt most ebbe nem tudunk belemenni.) Amikor olyan véletlengráf-generálási folyamatot keresünk, amely pl. az internethez hasonló nagyon nagy gráfot állít elő, az Erdős–Rényi modell első között jut



1. ábra. Egy véletlen gráf (a) és egy gyakorlatból vett gráf (b) fokszámainak eloszlása

eszünkbe. Elég hamar kiderül azonban, hogy az Erdős–Rényi-féle véletlen gráf nem nagyon hasonlít az internetre. Egy nagyon fontos különbséget mindjárt észrevehetünk, ha a pontok fokait vizsgáljuk.

Az 1/a. ábrán egy 100 csúcst, $1/10$ élsűrűségű Erdős–Rényi-gráf fokszámainak tipikus eloszlását mutatjuk be. (Egy 100 csúcst gráfnak maximum $100 \cdot 99/2 = 5000$ éle lehet. Ha az élsűrűség $1/10$, akkor ennek az élszámnak csak kb. $1/10$ -e, vagyis 500 él van jelen.) Könnyű kiszámítani, hogy az átlagos fokszám $= 10$, és ha statisztikát készítünk a fokokról, akkor (jó közelítéssel) az átlag körül harang alakú görbét, a nevezetes normális (vagy Gauss-) eloszlást fogjuk látni, aminek egyenlete:

$$\frac{1}{\sqrt{18p}} e^{-\frac{1}{18}(x-10)^2}$$

A való életben előforduló gráfok fokainak eloszlása nem ilyen; legtöbbször az 1/b. ábrán láthatóhoz hasonló, és olyasmival egyenlettel közelíthető, mint $y = 1/x^2$. Itt nem csak az a különbség, hogy a görbe emelkedő bal fele hiányzik; sokkal fontosabb, hogy a görbe lassabban, menedékesebben csökken. Ha 100 helyett 1000 csúcst néznénk, az Erdős–Rényi-féle véletlen gráfhoz tartozó ábra sokkal keskenyebb és meredekebb, túszerű csúcst mutatna, míg a való életbeli gráfok görbéinek alakja nem nagyon változna, csak a tengelyek lennének máshogyan skálázva.

A társadalomtudományokban már régebben felfedezték azt a jelenséget, hogy a való életbeli statisztikák igen gyakran ilyen elnyújtott, lassan lecsengő görbékre vezetnek; ezt egyik első leírójáról, George Kinsley Zipf amerikai nyelvészről „Zipf-jelenségnek” is nevezik. Ilyesmi statisztikát mutatnak egy élettér fajainak egyedszámai, az egyes példányok mérete stb. A számítógépek, hálózatok elemzése is sok további példával szolgál: az internet-gráf fokszámain kívül hasonló eredményt kapunk, ha egy tárolón lévő fájlok méretéről készítünk statisztikát.

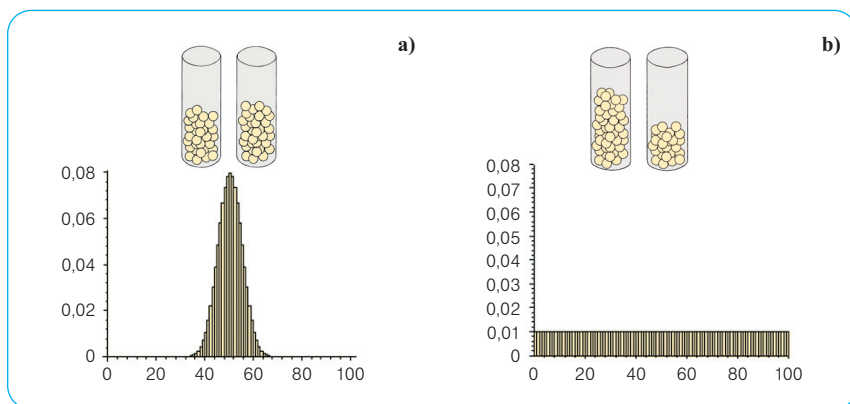
Mi ebben olyan meglepő, hogy külön

„jelenségnek” számít? Aki tanult valószínűség-számítást vagy statisztikát, tudja, hogy egy mérés, megfigyelés eredménye általában az átlaga körül normális eloszlású. Ennek magyarázatát is megadja az elmélet (az ún. centrális határeloszlástétel): ha az átlagtól való eltérés sok kis, egymástól független hiba összege, akkor az közelítőleg normális eloszlású lesz. Az Erdős–Rényi-féle véletlen gráf fokszámoszlását ez teljesen megmagyarázza. De milyen általános matematikai magyarázata lehet annak, hogy a való életbeli gráfok fokszámoszlása egészen más?

Urnák

Hogy egy kis bepillantást nyújtsunk a Zipf-jelenség matematikai hátterébe, idézzük föl sok valószínűség-tankönyv kedvencét, az urnát. Két urnába dobáljunk be 100 golyót, minden lépésben véletlenszerűen választva ki, hogy melyikbe dobjuk a következő golyót. A két urnában általában nem pontosan ugyanannyi golyó lesz, de a nagy számok törvénye alapján közelítőleg ugyanannyi. Ha a kísérletet sokszor megismételjük, és statisztikát készítünk arról, hogy – mondjuk – az első urnába hány golyót dobunk, akkor az átlag (50) körül mindkét irányban meredeken lefutó Gauss-görbét fogunk látni (2/a. ábra).

A 2/b. ábrán látható Pólya-urna kicsit máshogy működik: most is két urnába dobálunk be 100 golyót, de minden lépésben egy-egy urnába azzal arányos valószínűséggel dobunk be egy golyót, hogy hány golyó van már benne. Hogy az eljárás elinduljon, tegyünk mindkét urnába 1–1 golyót. Most egyforma sok golyó van a két urnában, tehát a harmadik golyót egyforma valószínűséggel dobunk egyik vagy másik urnába. Mondjuk, hogy az első urnába dobunk. Ekkor a negyedik golyót már kétszer akkora valószínűséggel dobunk az első urnába, mint a másodikba, vagyis az első urna valószínűsége $2/3$, a másodiké $1/3$. Általában, ha az első urnában a , a másodikban b



2. ábra. Két közönséges urna és két Pólya-urna

golyó van, akkor a következő golyót $a/(a+b)$ valószínűséggel dobjuk az első urnába, és $b/(a+b)$ valószínűséggel a másodikba.

Ez egy kicsit mesterkéltnek tűnhet, adjunk hát egy második leírást is: amikor egy golyót akarunk bedobni (a harmadik golyótól kezdve), akkor ez a golyó véletlenszerűen kiválaszt az urnákban levő golyók közül egy „példaképet”, és abba az urnába megy, amelyikben az van. (Lehetne a Pólya-urnát Divat-urnának vagy Sznob-urnának is nevezni...) Ha egy tipikus lefutás eredményét nézzük, akkor a két urnában nem egyforma sok golyó lesz. (Persze nem jósolhatjuk meg előre, hogy melyikben lesz több, hiszen a két urna szerepe szimmetrikus. Hol az egyikben, hol a másikban.) Ez nem meglepő, hiszen annak urnának, amelyik az elején egy kis előnyt szerez, jó esélye van rá, hogy ezt az előnyt meg is tartsa.

Ha a kísérletet nagyon sokszor megismételjük, a 2/b. ábrán látható meglepő statisztikát fogjuk látni: vagyis az első urnában az esetek 1/99 részében lesz 1 golyó, az esetek 1/99 részében lesz 2 golyó, ..., az esetek 1/99 részében lesz 99 golyó. (Matematikai érdeklődésű olvasók számára érdekes feladat ennek a bebizonyítása.)

Ha két urna helyett hárommal dolgozunk,

hasonló képet kapunk: a közönséges urnákban nagyjából egyforma számú golyó lesz, és az első urnába jutó golyók számának statisztikája az átlag körüli Gauss-görbét mutat. A Pólya-urnákban különböző számú golyó lesz, és a statisztika egészen más képet mutat, egy lineárisan csökkenő görbét (3. ábra). Ha az urnák számát növeljük, a közönséges urnák továbbra is Gauss-görbét adnak, míg a Pólya-urna egyre meredekebben lecsengő görbét (de azért soha nem lesz olyan meredek, mint a Gauss-görbe). Ha nagyon sok urnát használunk, akkor a Pólya-urna statisztikáját exponenciális függvénnyel lehet leírni ($y = e^{-x}$).

A Barabási–Albert-gráf

A Pólya urna azt mutatja, hogy egy igen természetes, egyszerű véletlen folyamat vezethet olyan eloszláshoz, amely a normális eloszlástól gyökeresen különbözik, nem reprodukálja azonban a Zipf-jelenséget. 1999-ben Barabási Albert-László és Albert Réka olyan véletlengráf-modellt javasoltak, amelynek fokszámai az 1/b. ábrához hasonló statisztikát adnak.

A legegyszerűbb változatban ez a modell a következőképpen működik. Kiindu-

lunk két, éllel összekötött csúcsból, majd minden lépésben születik egy új csúcs, ez kiválaszt magának egy öregebb csúcsot, és azzal összeköti magát. Az öregebb csúcsot véletlenszerűen választja, méghozzá úgy, hogy egy csúcs választásának valószínűsége arányos a fokszámával. (Sznob gráfnak is nevezhetnénk: minél népszerűbb egy régi csúcs, annál nagyobb valószínűséggel köti hozzá magát az új csúcs.) Az internet növekedése persze nem ennyire egyszerű, de érdemes megnézni, hogy amilyen gráfot így kapunk, mennyire tükrözi az internet megfigyelt tulajdonságait.

Tekinthetjük a csúcsokat Pólya-urnáknak. Minden lépésben egy golyót dobunk be a Pólya-urna szabályai szerint, és ezzel egy időben egy új csúcs (urna) születik, benne egy golyóval. A két utóbbi golyót tartalmazó urnát (csúcsot) éllel kötjük össze.

Nem nehéz belátni, hogy az így konstruált véletlen gráf egy fa, vagyis összefüggő és nincs benne kör (zárt poligon). Albert és Barabási kísérletileg megfigyelték, majd többen be is bizonyították (Bollobás, Riordan, Spencer és Tusnády, illetve Móri), hogy ha a gráfot eléggé nagyra növesztjük, akkor a fokszámainak eloszlása az 1/b. ábrán láthatóhoz hasonló lesz, pontosabban a k fokú csúcsok száma $1/k^3$ -bel lesz arányos.

Azóta sok hasonló modellt vezettek be és elemeztek, melyek a való életbeli gráfok más fontos tulajdonságait tükrözik. Nem mondhatjuk azonban, hogy teljesen értjük, milyen véletlen folyamatok vezetnek például a Zipf-jelenséghöz.

Nagy gráfok tesztelése

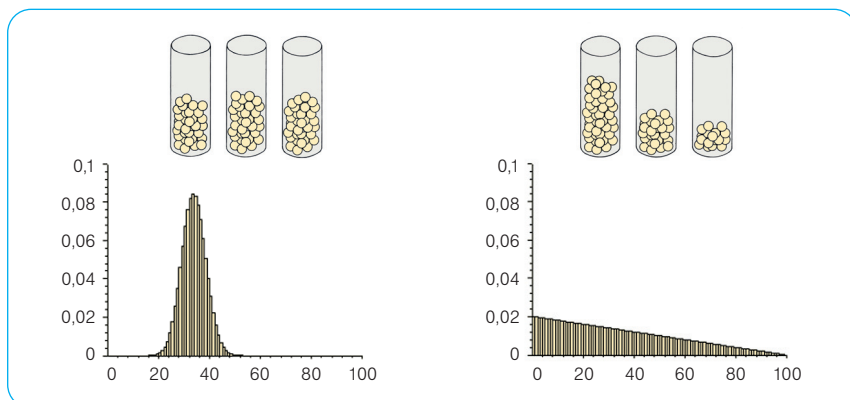
Mint már volt róla szó, a nagyon nagy gráfok nehezen vizsgálhatók. Egy lehetséges módszert a statisztika sugall: a nagy gráfból (nevezzük G -nek) mintát veszünk, vagyis véletlenszerűen kiválasztjuk mondjuk 1000 csúcsát, és megállapítjuk, hogy ezek közül melyek vannak összekötve. Az így kapott kisebb gráfot (nevezzük G' -nek) vizsgálva, megpróbálunk a nagy gráf tulajdonságaira következtetni.

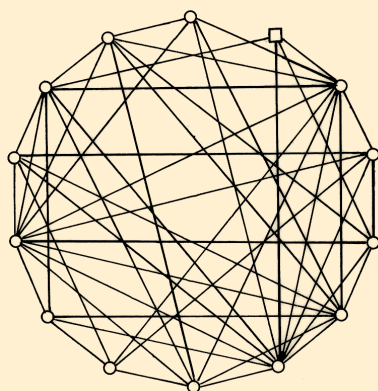
Például kíváncsiak vagyunk a G gráf élsűrűségére, vagyis, hogy a lehetséges $n(n-1)/2$ csúcspár hányad része van éllel összekötve. (Itt n a G gráf csúcseinak száma, ami sok milliárd lehet.) Legyen ez az ismeretlen szám p . Azt várhatjuk, hogy a kiválasztott 1000 csúcs között is ennyi az élsűrűség, vagyis körülbelül $p \cdot 1000 \cdot 999/2$ csúcspár lesz összekötve. De azt meg tudjuk számolni, hogy hány él fut a kiválasztott csúcsok között: mondjuk, 134 865 élt számolunk, akkor tehát

$$p \cdot \frac{1000 \cdot 999}{2} = 134\,865,$$

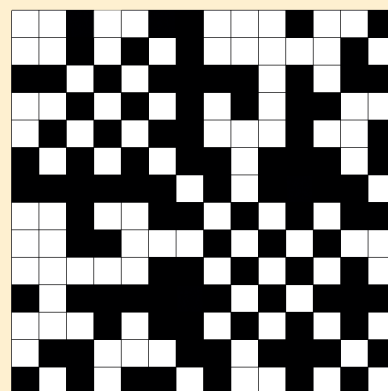
amiből $p = 0,27$. Ez persze csak statisztikai becslés a G gráf élsűrűségére: mind-

3. ábra. Három közönséges urna és három Pólya-urna





0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	1
0	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0
1	1	0	1	0	1	1	1	1	0	1	0	1	1
0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	1	1	0	0
0	1	0	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0	1
1	0	1	0	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1
1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	0
0	0	1	0	0	1	1	0	1	0	1	0	1	1
0	0	1	1	0	0	0	1	1	1	0	1	0	0
0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	0	1	0
1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1
0	0	0	1	0	1	1	0	1	0	1	0	1	0
0	1	1	0	0	0	1	1	0	1	1	1	0	1
1	0	1	0	1	1	0	1	0	0	1	0	1	0



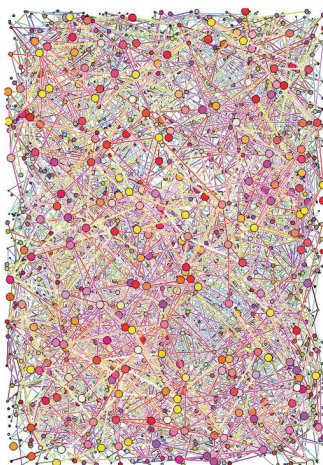
4. ábra. Egy gráf, a szomszédossági táblázata, és „keresztrejtvény”-ábrája

össze annyit állíthatunk, hogy az élsűrűség nagy valószínűséggel közel van 0,27-hoz. Ez az egyszerű példa nem volt nagyon meglepő, de vannak sokkal kevésbé nyilvánvaló tulajdonságok is, melyeket ilyen módszerrel lehet tesztelni. Például kíváncsiak vagyunk arra, hogy szétesik-e a G gráf két nagy részre, melyek között nincs él. Rövid megfontolás mutatja, hogy ha G -ben mondjuk van 5 csúcs, melyeket a többivel nem köt össze él, de a maradék rész összefüggő, akkor a véletlen mintából ennek az 5 elszigetelt pontnak a létezéséről semmit nem tudunk meg. Ezért a kérdés csak úgy értelmes, ha „nagy” részekről beszélünk, amelyek mindegyike a csúcsoknak (mondjuk) legalább $1/3$ -át tartalmazza.

Tegyük föl először, hogy a gráf 2 részre bomlik, melyek egyike a csúcsok $3/5$ -ét, a másika a csúcsok $2/5$ -ét tartalmazza, és melyek között nincs él. Jelöljük a két csúcs-halmazt A -val és B -vel. Ha most 1000 csúcsot kiválasztunk véletlenszerűen, a nagy számok törvénye alapján azt tapasztaljuk, hogy kb. 600 kiválasztott csúcs A -ba, kb. 400 pedig B -be fog esni. Az 1000 csúcsra látható G gráf tehát maga is két részre fog szétesni, nagyjából az eredeti G gráfhoz hasonló arányban.

Mit látunk akkor, ha a G gráf nem bomlik két nagy részre? A kivett 1000 ponton látott G gráf ettől még széteshet két nagy részre, melyeket nem köt össze közvetlenül egyetlen él sem, de a gráf általunk nem vizsgált, sokkal nagyobb részében eljuthatunk egyikből a másikba akár sokféleképpen is.

Más szóval: ha azt látjuk, hogy a kivett csúcsok által alkotott gráf nem bomlik két nagy részre, akkor nagy valószínűséggel azt állíthatjuk, hogy az eredeti gráf sem bomlik föl; de abból, hogy a kivett rész fölbomlik, nem következtethetünk arra, hogy a nagy gráf is fölbomlik. Egy gyengébb következtetést mégis levonhatunk: *a nagy gráf föl-*



A saját programmal generált gráf illusztrálja, hogy egy nem is olyan nagy, 3000 csúcspontú gráf is ijesztő lehet, ha „csak úgy” szemléljük

bomlik két nagy részre úgy, hogy az ezeket összekötő élek száma a lehetségesnek csak elenyésző töredéke. Ennek a bizonyítása egyáltalán nem könnyű, és megint csak többen járultak hozzá a megoldáshoz (Goldreich, Goldwasser és Ron, illetve Arora, Karger és Karpiński neve említendő).

Közelítés kisebbrel és nagyobbval

Az előző fejezetben tárgyalt gráftesztelési módszerek azért működnek, mert a gráfból választott véletlen részgráf sok fontos paraméter tekintetében hasonlít a gráfhoz. Úgy is mondhatnánk, hogy jól közelíti a gráfot. Ezzel tehát választ adtunk a bevezetőben feltett kérdésre, hogy a nagyon nagy gráfok közelíthetők-e kisebbrel: bizonyos értelemben igen. (Visszatérünk még arra a kérdésre, hogy milyen értelemben is közelítik egymást ezek a gráfok.)

Az első ilyen irányú eredmény *Szemerédi Endre* 1978-ban publikált ún. regularitási lemmája¹. A lemma pontos megfogalmazásától eltekintünk, inkább majd megpróbáljuk szemléltetni a következő fejezetben.

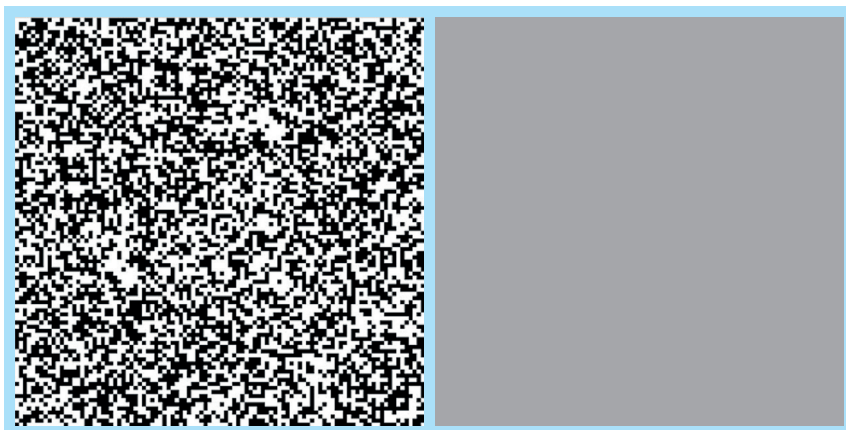
De mit jelent az, hogy „nagyobbal” közelítés? Arra a megállapításra gondolok, hogy „a végtelen a nagyon nagy véges közelítése”. Ha a kristályra úgy gondolunk, mint nagyon nagy gráfra, akkor láthatjuk, miről van szó: egy makroszkopikus kristályra sok szempontból úgy lehet gondolni, mint folytonos anyagra, melyen különböző fizikai paraméterek (hőmérséklet, feszültségek) folytonos (általában sokszor differenciálható) függvényekkel írhatók le. Így aztán felírhatók rájuk differenciálegyenletek, sorfejtések, alkalmazható az analízis hatalmas fegyvertára.

Attól tehát, hogy a nagyon nagy gráfot még nagyobbval (végtelen naggyal) helyettesítettük, nem bonyolultabb lett, hanem egyszerűbb, vagy legalábbis jobban kezelhető. Van-e hasonló folytonos közelítése általában a nagyon nagy gráfoknak? Látni fogjuk, hogy a válasz (bizonyos feltételek mellett) igenlő.

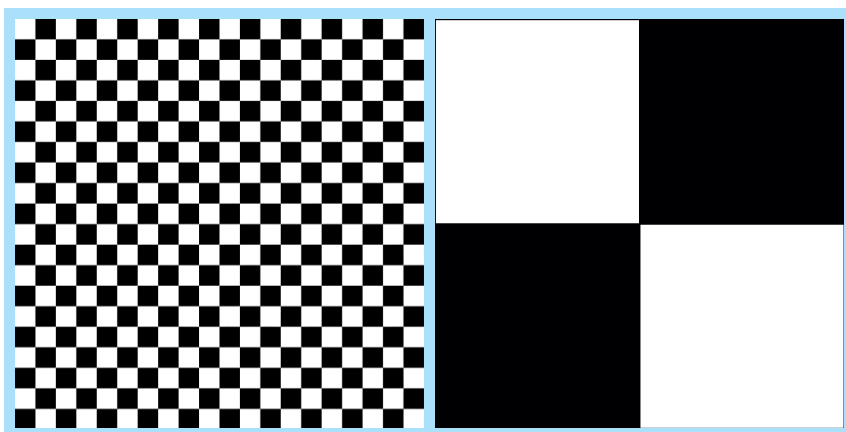
Egy szemléletes kép

Induljunk ki a 4. ábrán látható gráfból. A csúcsok és élek ilyen ábrázolása szemléletes, de például egy számítógépbe való be-

¹ Érdekes tény, hogy ezt a lemmát (magyarul segédített) Szemerédi egy számelméleti probléma megoldására használta. Erdős és Turán fontos sejtése volt, hogy egész számoknak minden pozitív sűrűségű sorozata tartalmaz akármilyen hosszú számtani részsorozatot. Ez a ma Szemerédi-tétel néven ismert állítás igen aktív kutatás tárgya világszerte. Az a tény, hogy egy számelméleti probléma által inspirált eredmény az internet-modellezéshez is kapcsolódik, a matematika egységének szép tanúja.



5. ábra. Egy Erdős-Rényi véletlen gráf „keresztrejtvény”-ábrája és annak átlagoltja



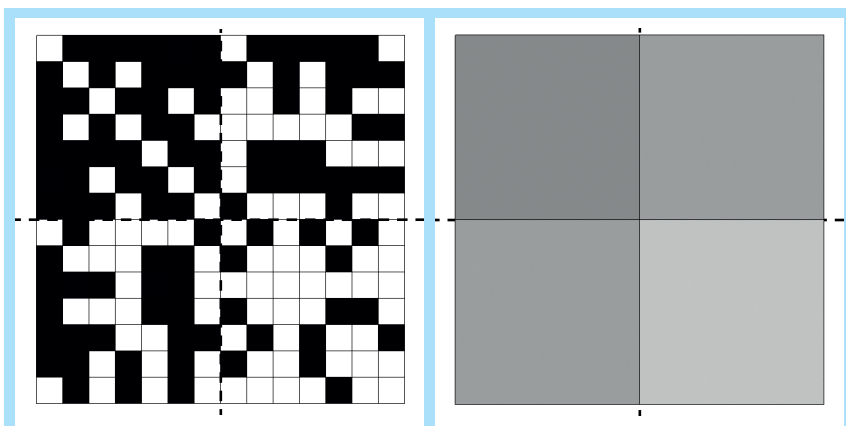
6. ábra. Egy nagy sakktábla és ugyanaz átrendezve

vitelhez nehezen használható; szokásosabb az ábra jobb oldalán látható táblázattal megadni a gráfot. Ehhez a csúcsokat megszámozzuk 1-től 14-ig, a tetején indulva, az óramutató járása szerint; az, hogy a 2. sor 3. eleme 1, azt jelenti, hogy a 2. és 3. csúcs össze van kötve.

Ez a táblázat az emberi szemnek igen keveset mond, ezért a következőképpen módosítjuk: minden 0-t egy kis fehér négyzettel, minden 1-et egy kis fekete négyzettel helyettesítünk; így olyan rajzot kapunk, ami keresztrejtvényre emlékeztet.

Az 5. ábra bal fele egy 100 csúcsú Er-

7. ábra. Egy Szemerédi-partíció



dős-Rényi-féle véletlen gráf „keresztrejtvény” ábrája, és bizony nem mond sokat. Messziről nézve egyenletesen szürkének látszik, nem különböztethető meg a jobb oldali szürke mezőtől, amit úgy jellemezhetünk, hogy a baloldali ábra sötéttségét átlagoltuk. A véletlen gráf tehát a szürke, struktúra nélküli ábrának felel meg.

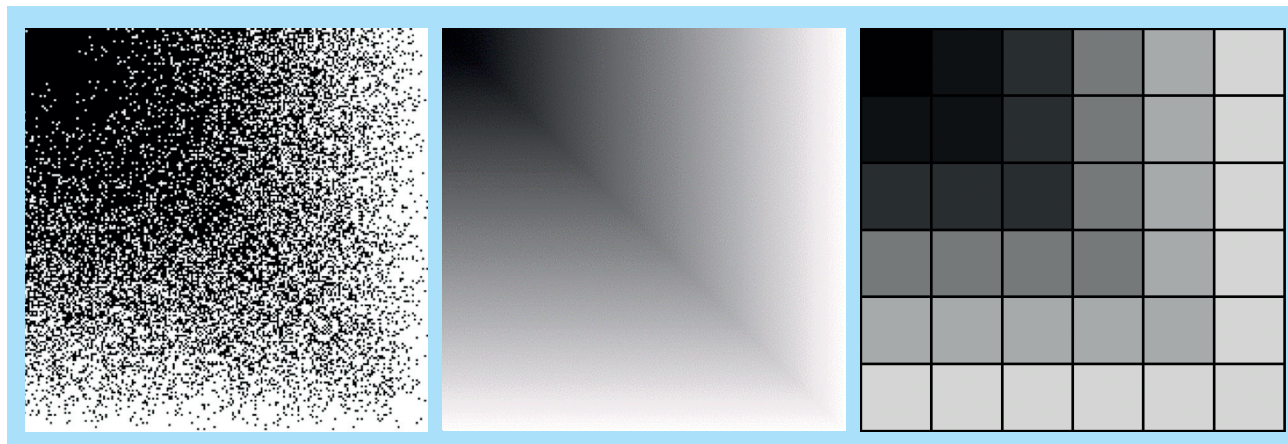
A 6. ábra bal fele „sakktáblát” mutat. Minél nagyobb sakktáblát nézünk, annál kevésbé különböztethető meg ez is az egyenletes szürkétől. De ha más sorrendbe állítjuk a sorait és oszlopait, a páratlan sorszámuakat véve előre, akkor igen egyszerű ábrát kapunk, amely csak négy egyszínű részből áll. A sakktábla tehát csak amiatt szürke, mert összekevertük a sorait; ha azokat megfelelő sorrendbe rakjuk, akkor egyszerű, de nagyon határozott struktúrát látunk.

A Szemerédi-partíció

A megfelelő sorrend kiválasztása más gráfoknál is kimutatja az egyébként rejtett struktúrát. A 7. ábra első fele ugyanazt a gráfot ábrázolja, mint a 4. ábra, de máshogy számoztuk a csúcsokat: a sorrendet úgy választottuk, hogy ha megcsináljuk a „keresztrejtvény”-ábrát, látszódjon, hogy a gráfnak van egy ritkább része, meg egy sűrűbb része, és a kettő között egy közepesen sűrű összeköttetés. A 7. ábra második felét úgy kaptuk, hogy az első felét négy kisebb négyzetre bontottuk, és mindegyik sötéttségét átlagoltuk. Szóban elmondva, ez az ábra a következő információt mondja: a pontok egyik felében az élsűrűség 0,86, a másik felében $8/21 = 0,38$, a kettő között pedig $23/49 = 0,47$. Más átrendezéssel ezt a struktúrát már nem tudnánk élesebbé tenni: az egyes részek már menthetetlenül egyenletesen szürkék, vagyis véletlenszerűek (persze egy ilyen kis gráfon ez nem látszik jól; ha az egyes részeknek mondjuk 100 csúcsa lenne, akkor megállapíthatnánk, hogy olyanok, mint az 5. ábra keresztrejtvénye).

Tegyük föl, hogy egy gráfról csak a 7. ábra jobb oldalán levő közelítést ismerjük, meg a csúcsok számát, de az utóbbi nagyon nagy (legyen, mondjuk, n). Mennyit mond el ez a három szám (0,86, 0,38 és 0,47) a gráfról? Nem sokat: például nem tudjuk megállapítani csak ezek alapján, van-e elszigetelt csúcs, vagy összefüggő-e a gráf. Más tulajdonságokat azonban meg tudunk mondani: tudjuk például, hogy az élek száma közelítőleg $0,86 \cdot n^2/4 + 0,38 \cdot n^2/4 + 0,47 \cdot n^2/2 = 0,2725 \cdot n^2$, ahol n a csúcsok száma. Kevésbé nyilvánvaló módon meg tudjuk becsülni a háromszögek számát is, vagy azt, hogy a gráf „lényegében összefüggő”-e.

Szemerédi 1975-ben bebizonyította a következő eredményt, a híres regularitási lemmát. Induljunk ki egy nagyon nagy gráfból,



8. ábra. Egy egyszerűen növekedő véletlen gráf „keresztrejtvény”-ábrája, annak folytonos közelítése, és Szemerédi-partíciója

és adjunk meg egy hibahatárt, mondjuk 1%-ot. Ekkor a gráf felbontható korlátos számú részre (ezek száma csak a hibahatártól függ, nem függ a gráftól) úgy, hogy a megfelelő kisebb négyzeteken a keresztrejtvény-ábra véletlenszerű. Az ilyen felbontást Szemerédi-partíciónak nevezzük.

A regularitási lemmát a gráfelmélet és a számítástudomány nagyon sok területén alkalmazzák. Igen szorosan kapcsolódik a fent vázolt témakörhöz, a nagyon nagy gráfok teszteléséhez is. Kiderült például, hogy (megint csak igen informálisan fogalmazva) pontosan azok a gráftulajdonságok tesztelhetők, melyeket a Szemerédi-partíció meghatároz.

Folytonos közelítés

A 8. ábra bal oldalán egy egyszerű szabály szerint véletlenszerűen növekvő gráf „keresztrejtvény”-ábrája látható. A szabály kicsit hasonlít az Albert–Barabási-féle gráfra. A gráf minden lépésben vagy egy új csúcsot hoz létre, vagy egy új élt, mely két korábban meglévő, eddig össze nem kötött csúcsot köt össze; a pontpárt egyenletes eloszlás szerint választjuk az összes szóbaeső párból. Azt, hogy új csúcsot vagy új élt hoz-e létre, ugyancsak a véletlen dönti el, de úgy, hogy az él létrejötte n -szer valószínűbb, mint az új csúcsé, ahol n a már meglévő csúcsok száma. A folyamatot 100 csúcsnál állítottuk meg. Látható, hogy a korábban született csúcsok között sokkal sűrűbbek az élek, ami persze nem meglepő.

Ami viszont érdekes, az a 8. ábra közepén levő képpel való összehasonlítás. Itt a $f(x,y) = \min(1-x, 1-y)$ függvény szürke skálázás ábrázolása látható (vagyis ahol a függvény értéke 1, ott fekete a megfelelő pixel, ahol 0, ott fehér). A két kép igen hasonlít, ha 100 helyett 1000 csúcsig mentünk volna el, nem is igen lehetne őket szemmel megkülönböztetni. Azt mondhatjuk tehát, hogy

a fent leírt módon növekedő gráfot az $f(x,y) = \min(1-x, 1-y)$ függvény közelíti meg, és pedig annál jobban, minnél nagyobb a gráf.

Ez a függvény nagy gráfunkról igen sokat elmond, és szebb, „analitikusabb” formában, mint a Szemerédi-partíció (amire egy példát a 8. ábra jobb oldalán látunk). Például ha a háromszögek számára vagyunk kíváncsiak, akkor „csak” ki kell számítanunk a következő integrált:

$$\int_0^1 \int_0^1 \int_0^1 f(x,y)f(y,z)f(z,x) dx dy dz,$$

és azt megszorozni a háromszögek lehetséges legnagyobb számával, ami

$$\binom{100}{3} = \frac{100 \cdot 99 \cdot 98}{3 \cdot 2 \cdot 1} = 161\,700.$$

Ez a „szép” függvénnyel való közelítés nem csak az ilyen módon konstruált gráfokra igaz. Ha gráfok egy növekvő sorozata olyan, hogy élsűrűségük (a keresztrejtvény-ábrájuk átlagos szürkessége) egy határértékhez tart, és általában ugyanez áll minden adott alakzat sűrűségére bennük, akkor van olyan kétváltozós függvény, melynek értékei 0 és 1 közöttiek, és a gráfokat egyre jobban közelíti. (A pontos megfogalmazás túlnézne az ismertetés keretein.) Ez a függvény, mint láttuk, igen komplikált gráfsorozat esetén is viszonylag egyszerű lehet, és ha a gráf elég nagy, akkor elég ezzel a függvénnyel dolgozni, felhasználva az analízis hatalmas eszköztárát..

Akkor hát melyik függvény írja le az internetet?

Sajnos, erre a kérdésre a fenti elmélet nem ad értelmes választ. Ha (képzletben) megcsináljuk az internet keresztrejtvény-ábráját, az majdnem teljesen fehér lesz, hiszen egy-egy csúcs csak a többi csúcs elenyészően kis részével van összekötve. Így azt

mondhatjuk, hogy az internetet ilyen módon az azonosan 0 függvény igen jól megközelíti – ami igaz állítás, de semmitmondó. Sajnos, a legérdekesebb nagyon nagy gráfokkal hasonló a helyzet. A fenti elmélet sűrű gráfokra alkalmazható, melyek élszáma a maximális lehetséges élszám (n csúcs esetén $n(n-1)/2$) nem elhanyagolható százaléka.

Van-e valamilyen jobb értelemben jól használható limesze az olyan növekvő gráfsorozatnak, mint az Albert–Barabási-gráfok vagy az internet?

Megközelíthető-e egyáltalán ilyen módszerekkel az internet (vagy mondjuk az agy) szerkezete? Sűrű gráfok esetén a Szemerédi-lemma azt mondja, hogy megadható korlátos számú numerikus paraméter (az egyes osztályok közötti élsűrűségek), melyek ismeretében a gráf legtöbb fontos tulajdonsága kis hibával kiszámítható. Minél több paramétert adunk meg, annál kisebb lesz ez a hiba. (Az analízisből ismert sorfejtésekhez hasonlóan ez.) Megadható-e ritka gráfoknak is jó közelítése, mely kevés paraméterrel leírható? Bár vannak részeredmények, ezekre az igen izgalmas és fontos kérdésekre nem tudjuk a választ. ☆

Irodalom

- A. Barabási and R. Albert: Emergence of scaling in random networks, Science 286 (1999), 509–512.
- Béla Bollobás: Random Graphs, Cambridge Univ. Press (2001).
- P. Erdős and A. Rényi, On random graphs. I, Publ Math Debrecen 6 (1959), 290–297.
- Jim Pitman: Probability, Springer (1999).
- J. Komlós and M. Simonovits, Szemerédi Regularity Lemma and its applications in extremal graph theory, in: Combinatorics, Paul Erdős is 80, Vol. II, Bolyai Soc. Math. Stud. 2, Budapest (1996), 295–352.
- S. Milgram: The Small World Problem, Psychology Today (1967) 60–67.

Linkek

- Szociális hálózatok: http://www.cybergeography.org/atlas/more_topology.html
- Erdős-gráf: <http://www.oakland.edu/enp>
- Gráfok limesze: <http://www.cs.elte.hu/~lovasz/hom-papers.html>

Társas kapcsolatok hálózata

Ismeretségeink, rokoni, baráti, üzleti, munkahelyi kapcsolataink rendkívül összetett hálózatba szerveződnek, melynek alapvető szerkezeti egységei a családok, baráti körök, munkahelyi közösségek által kialakított kisebb-nagyobb csoportosulásoknak. Egy ilyen közösségen belül általában nagyon sűrűk a kapcsolatok (majdnem mindenki ismer mindenkit), a csoportok között – ezzel szemben – jelentősen ritkábbak. Ennélfogva például az információterjedés egy csoportosuláson belül nagyon gyors, míg a közösségek között lassabb. Gyakran előfordul, hogy a közösségek átfednek egymással: általában mindenki párhuzamosan tagja egy családi közösségnek és egy attól jól elválasztható baráti körnek vagy munkahelyi csapatnak.

Az emberi kapcsolatok idővel változhatnak, új ismeretségek jöhetnek létre és régiak halványodhatnak el. Ennek megfelelően a változó társas kapcsolat-hálózat is folyamatos mozgásban van: a kapcsolatok átrendeződésével a közösségek mérete nőhet vagy csökkenhet, csoportok összeolvadhatnak és szétválhatnak, teljesen új közösségek jöhetnek létre és régiak tűnhetnek el véglegesen (1/a. ábra). Ezen folyamatok tanulmányozása nagyban segítheti a társadalom önszerveződési dinamikájának mélyebb megértését.

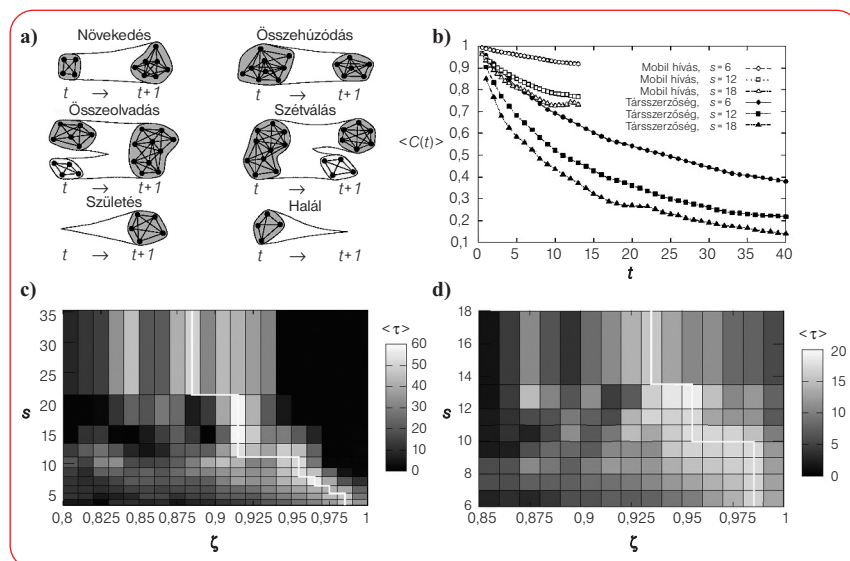
Az információtechnológia utóbbi időkben bekövetkezett rohamos fejlődésének köszönhetően, manapság már technikailag is lehetséges az említett csoportosulásdinamika nyomon követése nagyméretű társas kapcsolat-hálózatokban. A továbbiakban ilyen vizsgálatok legfontosabb eredményeit ismertetjük egy tudományos társszerzőségi hálózatban, valamint egy mobilhívási hálózatban. A társszerzőségi hálózat esetében a nyers adatokat a Cornell Egyetem könyvtárának internetes cikkgyűjteményében havi bontásban megjelenő, szilárdtestfizikához sorolt cikkek adták [1] (összesen több mint 30 000 szerző, 142 hónapon keresztül). A hálózat felépítésénél egy n szerző által közösen közölt cikk $1/(n-1)$ -gyel növeli az összes lehetséges szerzőpárja közt

lévő kapcsolatok súlyát. A mobilhívási hálózat esetén egy több mint 4 millió ügyféllel rendelkező szolgáltató által lebonyolított hívások számát, idejét és költségét összegezték kéthetes periódusokban [2] (összesen 52 héten át). Ez a három jellemző mind alkalmas arra, hogy az adott kapcsolat intenzitását, erősségét mérjük vele. A nem személyes kapcsolatok kiszűrésének céljából itt csak azokat a kapcsolatokat vettük figyelembe, ahol mindkét irányban volt hívás.

A csoportosulásokat a *Klikk Perkolációs Módszer* [3] (Clique Percolation Method, CPM) segítségével nyertük ki a két hálózatból. Ez a módszer egyenként k darab csúcsból álló, teljesen összekötött részgráfokat (k -klikkeket) használ a csoportosulások feltérképezéséhez. Két k -klikket akkor mondunk szomszédosnak, ha csak egyetlen csúcson különböznek egymástól, azaz $k-1$ csúcuk közös. Egy, a CPM segítségével kapott csoportosulás azokból a k -klik-

kekből épül fel, melyek közül bármelyikből eljuthatunk bármely másikba szomszédos k -klikkeken keresztül. Ez a megközelítés nagyon közel áll a csoportosulások eredeti megfogalmazásához: a csoportosulásokon belül sok kapcsolatot szeretnénk, a csoportosulások között viszont keveset, hiszen k darab csúcson akkor van a lehető leg-sűrűbben összekötve, ha egy k -klikket alkotnak. A bevezetett k -klikk-szomszédság segítségével definiálhatjuk a k -klikkek hálózatát is, ahol az egyes csúcsok az eredeti hálózat k -klikkjeinek felelnek meg, és két csúcson akkor van él, ha a megfelelő k -klikkek szomszédosak. A csoportosulások ebben a képmen a k -klikk-hálózat összefüggő komponenseinek felelnek meg. Ezeket a statisztikus fizikában perkolációs klasztereknek szokás nevezni, innen származik a módszer elnevezése. Mivel az eredeti hálózatban egy csúcspont egyszerre több k -klikk perkolációs klaszternek (csoportosulásnak) is tagja lehet, ezért a CPM

1. ábra. a) Alapvető események egy csoportosulás élete folyamán. b) A csoportosulások átlagos autokorrelációs függvénye a mobilhívási (fehér szimbólumok) és a társszerzőségi hálózat esetén (fekete szimbólumok), különböző s csoportméret mellett. c) A csoportosulások átlagos élettartama, $\langle \tau \rangle$ (színskálázva), a stacionaritás, z és a csoportméret, s függvényében a társszerzőségi hálózat esetén. A fehér vonal a maximális $\langle \tau \rangle$ értékekhez tartozó gerincet mutatja. d) Ugyanaz, mint c), csak a mobilhívási hálózat esetén



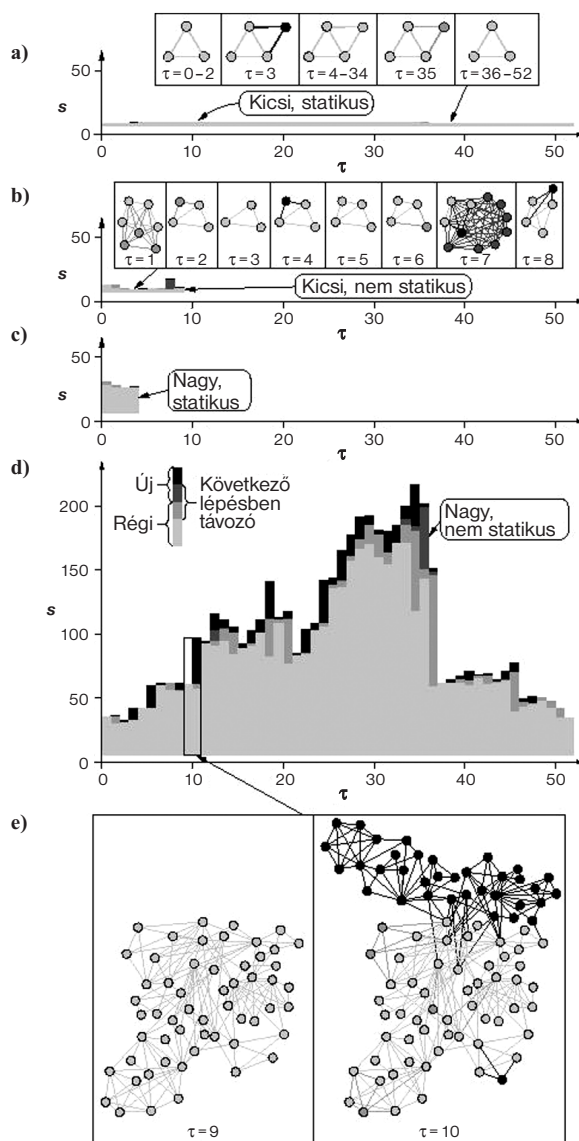
A cikk első megjelenése: Természet Világa, 2008. 3. szám.

természetes módon engedi meg a csoportosulások közti átfedéseket.

Az optimális k -klikk-méretre a társszerzőségi hálózat esetén $k=3$, míg a mobilhívási hálózat esetén $k=4$ adódott. (Az optimális k paraméter megtalálása összetett feladat, melynek részletei megtalálhatók az irodalomban). A talált csoportosulások hitelességét alátámasztják a mobilhívási hálózat esetén a felhasználókról rendelkezésre álló (igen limitált) egyéb információk: a felhasználók kora, illetve lakóhelyük irányítószáma egy-egy közösségen belül sokkal jobban hasonlít egymásra, mint egy ugyanakkora, a teljes hálózatból véletlenszerűen választott felhasználókból álló csoport esetén [4].

Az egymást követő időlépéseknél fel tárt közösségekre tekinthetünk úgy, mint pillanatfelvételek sorozatára, melyeket fel kell fűzni ahhoz, hogy kirajzolódjon előtűnk az időben változó, egymással kölcsönható csoportosulások dinamikus képe. Ez azzal jár, hogy a szomszédos időlépéseknél talált csoportosulásokat egymáshoz kell illeszteni, hogy lássuk, melyik csoport mi vé alakul az adott időlépés alatt. Miután ez megtörtént, nekiláthatunk az időfejlődés tanulmányozásához. Az egyik legegyszerűbb eszköz, melynek segítségével nyomon követhetjük egy csoportosulás tagösszetételének változásait, a csoport autokorrelációs függvénye, $C(t)$, mely a t időpontban a csoport kezdeti tagösszetételének és t -beli állapotának relatív átfedése. (Két csoport relatív átfedése a közös tagok számának és az összes előforduló tagok számának hányadosa.) Ha az adott csoport csak keveset változik, úgy $C(t)$ egyhez közeli értéket vesz fel, ellenben, ha gyors ütemben cserélődnek a tagok, akkor $C(t)$ hamar a nullához közelít. Az 1/b. ábra a vizsgált két hálózatban tapasztalt átlagos csoportautokorrelációs $\langle C(t) \rangle$ függvényt mutatja különböző csoportosulásméretek esetén. Amint látható, a $\langle C(t) \rangle$ jelentősen gyorsabban cseng le a nagyobb csoportosulásoknál, mint a kisebbeknél [4]. Ezek szerint a nagyobb csoportosulások relatíve gyorsabban változnak, a tagok hamar kicserélődnek bennük. Ezzel szemben a kisebb csoportosulások többnyire statikusak, összetételük relatíve lassan változik.

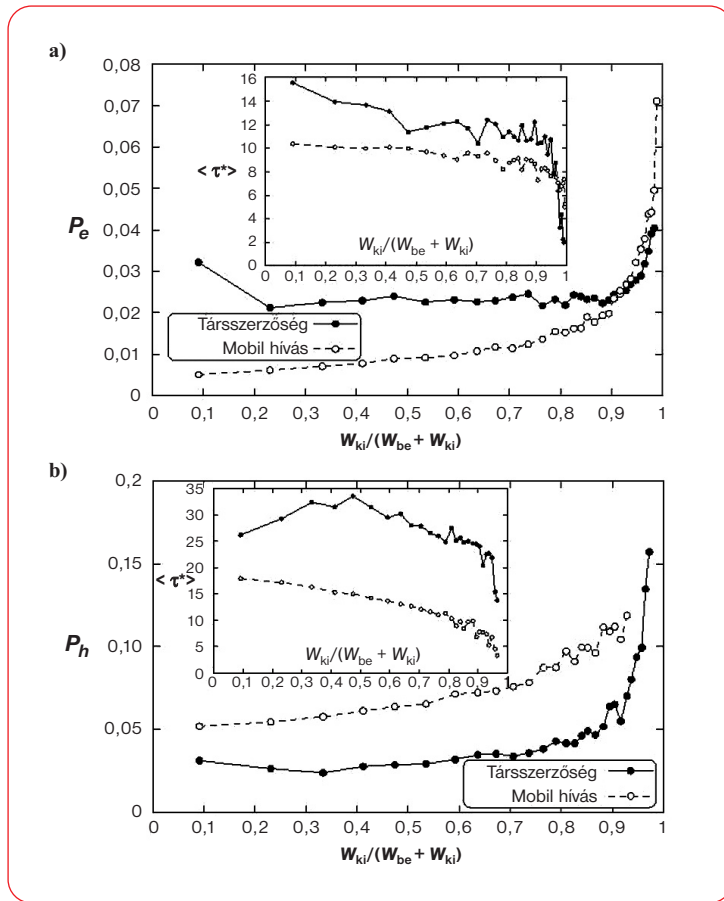
A csoportosulások eltérő változékonyságának mérésére vezettük be a stacionaritás mennyiségét, ζ -t, mely egy csoport életútja során a szomszédos időlépések relatív átfedésének átlaga [4]. Ha ζ egyhez közeli értéket vesz fel, akkor a csoport összetétele időben nagyon stabil, csak keveset változik, ellenben ha ζ a nullához közelít, akkor a tagok gyorsan cserélődnek, hiszen $1-\zeta$ az időlépésenként kicserélődő tagok átlagos hányadával egyenlő. Vizsgálataink alapján nagyon érdekes összefüggés áll fenn a csoportok mérete, stacionaritása és várható élettartama között [4] (egy csoport



2. ábra. Négy eltérő tulajdonságú csoportosulás időfejlődése a társszerzőségi hálózatban. Az oszlopok magassága a csoport méretének felel meg az adott időpontban, ezen belül halvány-szürke szín jelöli a „rég” tagok hányadát (ezek már az előző időlépésben is a csoporthoz tartoztak), fekete az újonnan jötteket. A következő lépésben távozó tagok szürke vagy sötétszürke színt kaptak attól függően, hogy régiek vagy újak (ez utóbbi esetben az adott tag csak egy időlépésre csatlakozik a csoportosuláshoz). a) Kisméretű, statikus csoportosulás. b) Kisméretű, nem statikus csoportosulás. c) Nagyméretű, statikus csoportosulás. d) Nagyméretű, nem statikus csoportosulás. e) Két, egymást követő pillanatfelvétel a d) alatt bemutatott csoportosulásról

élettartama vagy élethossza alatt azon időlépések számát értjük, melyek alatt az adott csoportosulás jelen volt a hálózatban). Az élettartam tekinthető egyfajta fitness-értéknek is: a fitt csoportosulások sokáig élnek, míg a nem fitt csoportosulások hamar eltűnnek. Az 1/c.–1/d. ábrákon a csoportosulásméret, s , valamint a stacionaritás, ζ függvényében tüntettük fel az átlagos élettartamot, $\langle \tau \rangle$ -t, szinkódolás segítségével. A világos, fehérbe hajló árnyalatok jelölik

a magas várható élettartamot, míg a sötétszürke és fekete árnyalatok a rövid élethosszt. Mindkét hálózatban a kisméretű csoportosulások esetén a maximális $\langle \tau \rangle$ -értékek egyhez közeli ζ -értékhez tartoznak. Ez azt jelenti, hogy a kis csoportok számára az az optimális, ha tagösszetételük időben nem, vagy csak keveset változik. Ezzel szemben a nagyobb csoportosulások esetén alacsonyabb ζ -paraméterek felé tolódik el az élettartam maximuma. Ebből az



3. ábra. a) A csoporttagok átlagos csoportelhagyási valószínűsége, p_e , a $w_{ki}/(w_{be} + w_{ki})$ függvényében, ahol w_{ki} az adott tag csoporton kívüli kapcsolatainak erőssége, míg w_{be} a többi csoporttársához fűződő kapcsolatainak erőssége. A belső ábra a tagok csoportban eltöltött átlagos idejét mutatja ugyanezen paraméter függvényében. b) A csoportok átlagos széthullási valószínűsége, p_h , a $w_{ki}/(w_{be} + w_{ki})$ függvényben, ahol w_{ki} a csoportot a hálózat egyéb részeivel össztartó kapcsolatok erőssége, w_{be} pedig a csoporton belüli kapcsolatok erőssége. A belső ábra a csoportok átlagos élettartamát mutatja ugyanezen paraméter függvényében

következik, hogy a nagy csoportoknak állandóan meg kell újulni a fennmaradásához, a tagoknak folyamatosan cserélődniük kell ahhoz, hogy a csoport tovább tudjon élni.

Ezt az érdekes megfigyelést szemlélteti a 2. ábra, melyen négy csoportosulás életútját mutatjuk be a társaszerzőségi hálózatból. Az 2/a. ábra egy tipikusan kisméretű, hosszan élő csoportot szemléltet, melyben alig történik változás a csoport 52 hónapos élete során. Ezzel szemben a 2/b. ábrán látható, szintén kisméretű csoport esetén sokat változik a tagösszetétel, és ennek megfelelően a csoport meg is szűnik kilenc lépés után. A nagyobb méretű csoportoknál fordított a helyzet: a 2/c. ábrán látható, hogy az igen statikus csoport mindössze négy lépésig van jelen a hálózatban, míg a nagyon dinamikus változó, állandóan változásban lévő, 2/d. ábrán mutatott csoport a rengeteg fluktuáció ellenére hosszan fennmarad.

A kis- és nagyméretű csoportosulások eltérő viselkedése felveti azt a kérdést, hogy lehet-e jóslatokat tenni egy csoportosulás jövőjét illetően, ha ismerjük a csoport tulajdonságait. Eredményeink szerint az egyes csoporttagokhoz, illetve egy egész csoportosuláshoz tartozó kapcsolaterősségek alapján ez (limitált módon) megtehető [4]. Egy adott csoporttag esetén minél nagyobb a csoporton kívüli csúcsokhoz kötődő kapcsolatok összesített erőssége (w_{ki}) az összes kapcsolaterősségéhez viszonyítva ($w_{be} + w_{ki}$, ahol w_{be} a többi csoporttársához kötődő kapcsolatok erőssége), annál valószínűbb, hogy a következő időlépésben elhagyja a csoportot. Ezt illusztrálja a 3/a. ábra, melyen a tagok átlagos csoportelhagyási valószínűsége, p_e emelkedő tendenciát mutat a $w_{ki}/(w_{be} + w_{ki})$ függvényében. A belső kép a tagok által a csoportban eltöltött $\langle \tau \rangle$ időt mutatja, mely ugyanennek a paraméternek csökkenő függvénye.

Hasonló összefüggést tárhatunk fel a csoportosulások szintjén is, ha a csoportosulások átlagos széthullási valószínűségét p_h -t a $w_{ki}/(w_{be} + w_{ki})$ függvényében ábrázoljuk, ahol w_{ki} a csoportból a hálózat egyéb részei felé irányuló kapcsolatok összesített súlya, w_{be} pedig a csoporton belüli kapcsolatok összesített erőssége (3/b. ábra). Láthatóan minél nagyobb a $w_{ki}/(w_{be} + w_{ki})$, annál valószínűbb, hogy a csoport a következő időlépésben felbomlik. A belső kép itt a csoportok átlagos élettartamát, $\langle \tau \rangle$ -t mutatja a $w_{ki}/(w_{be} + w_{ki})$ függvényében. Mindkét hálózatban $\langle \tau \rangle$ meredeken csökken a nagy $w_{ki}/(w_{be} + w_{ki})$ tartományban. Ezzel szemben közepes paraméter-értékeknél a mobilhívási hálózatban monoton csökkenő függvényt láthatunk, míg a társaszerzőségi hálózatban $\langle \tau \rangle$ maximumon megy át. Ez azt jelenti, hogy a társaszerzőségi hálózatban a külső kapcsolatok relatív erősségének van egy optimális szintje, mely a különböző kutatócsoportokban, esetleg eltérő témákon dolgozó tudósok közti együttműködéseknek felel meg.

Összefoglalásul elmondhatjuk, hogy a fenti eredmények új megvilágításba helyezik a társaskapcsolat-hálózatok csoportosulásdinamikáját, rámutatva a nagy- és kisméretű csoportosulások eltérő viselkedésére. A kisebb közösségek (pl. néhány tagú baráti körök) időben nemigen változnak, a csoport hosszú távú fennmaradásának feltétele a tagok hű ragaszkodása a csoporthoz. Ezzel szemben a nagy csoportosulások (pl. munkahelyi közösségek vagy sportklubok) csak úgy képesek a túlélésre, ha tagösszetételük állandóan megújul (néha akár teljesen le is cserélődik), folytonos változásban tartva a csoportot. Ezen felül megmutattuk, hogy a tagokhoz, illetve a csoportokhoz tartozó kapcsolaterősségek elemzésével megjósolható a tagok kiválási, valamint a csoportok szétesési valószínűsége.

A szerzők köszönettel tartoznak Derényi Imrének a hasznos diskuszióért, valamint Farkas Illésnek és Szabó Gábornak a vizsgált hálózatok alapjául szolgáló nyers adatok kezelésében nyújtott segítségért. A szerzők kutatásait támogatták az OTKA K68669, T034995, PD048422, valamint az NKTH CellCom RET pályázatok, illetve a DDDAS és ITR programok keretein belül a James S. McDonnell Foundation és a National Science Foundation.

Irodalom

- S. Warner: *E-prints and the Open Archives Initiative*. Library Hi Tech 21, 151 (2003), <http://xxx.lanl.gov/archive/cond-mat>.
- J.-P. Onnella, J. Saramäki, J. Hyvönen, G. Szabó, M. A. de Menezes, K. Kaski, A.-L. Barabási, J. Kertész: *Analysis of a large-scale weighted network of one-to-one human communication*. New Journal of Physics 9, 179 (2007).
- G. Palla, I. Derényi, I. Farkas, T. Vicsek: *Uncovering the overlapping community structure of complex networks in nature and society*. Nature 435, 814 (2005).
- G. Palla, A.-L. Barabási, T. Vicsek: *Quantifying social group evolution*. Nature 446, 664 (2007).

Hogyan alkalmazkodnak a hálózatok?

1998-ban megjelent egy tudományos cikk, amely sok éven át elgondolkodtatott. *Susanna Rutherford* és *Susan Lindquist* a *Nature*-ben írták le, hogy az egyik hősokk-fehérje képes az evolúció sebességét szabályozni (Rutherford és Lindquist, 1998). Ez a hősokk-fehérje nemcsak arról nevezetes, hogy segíti a bajba jutott sejteket a működésük helyreállításában, hanem arról is, hogy a sejt fehérjéinek csaknem 5%-át alkotva, ezernyi más fehérjével létesít kapcsolatot. Már 1998-ban meggyőződésemmé vált (de a mai napig még nem következett be), hogy ezért a felfedezésért egyszer Nobel-díjat fognak adni. Nem csak azért tartom ezt az írást új irányt mutató, korszakos felfedezésnek, mert az evolúció sebessége szabályozásának molekuláris mechanizmusairól e cikk előtt fogalmunk sem volt. Azért is, mert egy olyan újfajta szabályozási típusra mutatott rá, ami nem úgy működik, hogy „A” fehérje szabályozza „B” fehérjét, hanem úgy, hogy fehérjék százai, ezrei együttesen szabályoznak egyetlen jelenséget.

1998-tól gondolkodtam ezen a felfedezésen. Hogy a csudába lehet az, hogy ezer fehérje egyetlenegy hatást képes szabályozni, például az evolúció sebességét? Vajon melyik az a módszer, amellyel azt lehet megvizsgálni, hogyan hat kölcsön ezer fehérje egymással, és hogyan lesz ebből a milliányi kölcsönhatásból egyetlen eredmény?

Magyarország nagyon szerencsés ország. Többek között azért, mert kicsi, és ezért nagyon kevés olyan szakember van, aki pontosan ugyanazon a szakterületen dolgozna. Például a hősokk-fehérjékkel *Sőti Csaba* és *Vígh László* barátaim laboratóriumában és rajtam kívül sok mindenki más ebben az országban nem nagyon foglalkozik. Éppen ezért, ha egy magyar tudós nem akarja elunni magát nagyon hamar, olyan kollégákkal kell beszélgetnie, akiknek látszólag semmi közük nincsen ahhoz a tudományterülethez, amelyet ő vizsgál. Nagy szerencsém, hogy *Vicsek Tamás* is a barátomnak tudhatom. Így hát Vicsek Tamást is megkérdeztem, sok mindenki más mellett, hogy mi az a módszer, amivel ezer fehérje egyetlen hatását le lehet írni. Tamás felhívta a figyelmemet *Barabási László* „Behálózva” című könyvére (Barabási, 2013). Az először 2002-ben angolul megjelent könyv egy új világot nyitott meg előttem. Úgy is mondhatnám, hogy Laci ezzel engem egy életre behálózott. Ez a könyv megmutatta nekem, hogy a hálózatok kutatás valóban olyan eszköztárat ad az emberek kezébe, amivel megválaszolható az a kérdés, hogy ezer fehérjének hogyan lehet egyetlen közös hatása.

Az az értékes tapasztalat, hogy az egymáshoz nagyon nem közeli tudományterületeket képviselő kutatók egymásnak igenis nagyon-nagyon alapvető ötleteket tudnak adni, egész életre szóló tapasztalásommá vált. A saját hálózatos munkacsoportom (www.linkgroup.hu) is ilyen multidiszciplináris munkacsoport. *Poincaré*t szeretném idézni, aki több mint száz évvel ezelőtt a matematika módszertáráról megjelent könyvében (Poincaré, 1908) írta le, hogy az igazi kreativitás a távol eső területeknek a kombinációjából adódhat össze. Az a megközelítés tehát, hogy látszólag össze nem függő tudományterületeket, vagy gondolatokat próbál meg az ember mégiscsak összefűzni, igencsak gyümölcsöző lehet.

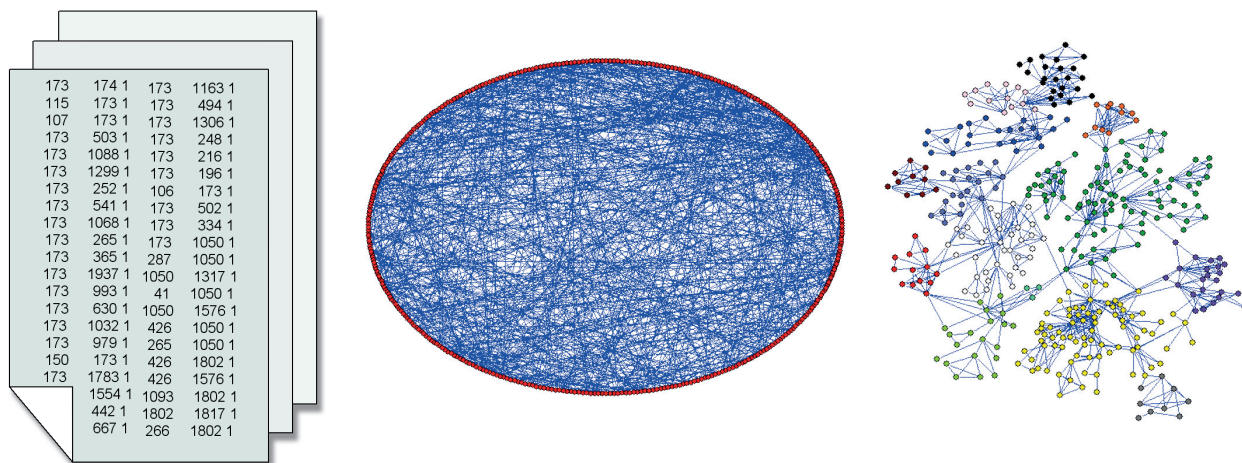
Mennyire hasonlóak a bennünk lévő és a minket körülvevő hálózatok?

Az elmúlt másfél évtizedben kiderült, hogy nagyon sok olyan tulajdonsága van a természetben előforduló hálózatoknak, amelyek közösek (Csermely, 2005). Az a megdöbbentő ebben az állításban, hogy attól szinte teljesen függetlenül igaz, hogy milyen komplex rendszert ír le az adott hálózat, egyetlen fehérje szerkezetét, egy egész fehérjeseregletnek a kapcsolatrendszerét, a sejteink kapcsolatrendszerét, például az agyunkat, vagy pedig az egész emberi társadalmat. Általános tulajdonságaik egyik példaként ezek a hálózatok mind-mind kisvilágok, azaz a nóduszaik nagyon rövid utakkal vannak összekötve egymással. Egy másik példa ezekre az általános tulajdonságokra az, hogy e hálózatok mindegyikében szerepelnek csomópontok, tehát olyan nóduszok, amelyeknek lényegesen több kapcsolata van, mint a hálózat többi tagjának. E hasonlóságok arra a fontos következtetésre is elvezetnek, hogy a biológiai hálózatokra akkor is érdemes figyelniük, amikor a saját emberi életünkről beszélünk. Ennek oka az, hogy a biológiai hálózatok már hárommilliárd éve tanulnak, és az ember messze nem jutott még el a generációi számában arra a tapasztalati tömegre, amelyet egy biológiai hálózat az évmilliárdok során magában már rögzített.

Mit tud az élesztő, amit mi emberek nem?

A továbbiakban három olyan megfigyelést szeretnék megosztani az Olvasóval, amelyek valamelyest válaszolni tudnak arra a kérdésre: „Hogyan változnak meg a bennünk lévő, és a minket körülvevő hálózatok”? Az első hálózatos alkalmazkodási mechanizmust *Mihalik Ágoston* barátommal néhány évvel ezelőtt találtuk meg (Mihalik és Csermely, 2011). (Mihalik Ágoston tudományos diákköri hallgató volt akkor, amikor ezt vizsgálta, jelenleg Angliában kutat PhD-hallgatóként.) Ágostonnal az élesztő fehérje-fehérje kölcsönhatási hálózatát vizsgáltuk az élesztő nyugalmi helyzetében és stressz után. Az élesztő esetén a nyugalmi helyzet rendkívül gyors osztódást jelent (ilyenkor fut ki az élesztő a pohárból). Az élesztőnek nagyon könnyű stresszt okozni: az élesztőtsejt stresszként éli meg, ha felmelegítem, de azt is, ha lehűtöm, vagy ha több élelmiszert adok neki, és azt is, ha kevesebbet. Az élesztő fehérje-fehérje kölcsönhatási hálózata nyugalmi állapotban egy fehérjegyár, ami az osztódó élesztőtsejtek alapanyagát termeli. Egy gyorsan osztódó élesztőnek a fehérje-fehérje kölcsönhatási hálózatában minden e feladatnak van alárendelve. Emiatt nem meglepő, hogy az ilyen élesztő fehérjehálózatának a közepén a fehérjéket szintetizáló riboszóma, és a hozzá kapcsolódó olyan fehérjék vannak, amelyek rajta kívül az új fehérjék szintéziséért és a sejtosztódás előkészítéséért felelősek.

Hogyan változik meg ez a fehérje-fehérje kölcsönhatási hálózat az élesztőt érő stressz hatására? Elveszti a fontosságát a riboszóma és minden olyan fehérjecsoport, amely a fehérjék szintéziséért, az új sejt megszületését segítette korábban elő. A fehérjék



Az élesztősejt fehérje-fehérje kölcsönhatási hálózatának három leírási formája. E hálózatban minden egyes pont egy fehérje, és minden vonalnak jelzett kapcsolat két fehérje fizikai kölcsönhatását jelöli. Az első, bal oldali leírási forma adatszerű, a második, középen lévő, egy olyan ábrázolás, amely szolgáiban követi az adatszerű leírási forma szerkezetét. A harmadik, jobb oldali ábrázolás – amely a legtöbb információt adja a jobb oldali agyféltekének – figyelembe veszi azt, hogy azok a pontok (fehérjék) kerüljenek közelebb egymáshoz, amelyek jobban össze vannak kötve. A jobb oldali ábrán igen jól kivehetők a csoportok, amelyek a sejtben az azonos tevékenységet végző fehérjék (így fehérjeszintézist, fehérjelebontást, transzportfolyamatokat stb. ellátó) csoportjait jelölik. (Az ábrán az áttekinthetőség kedvéért az élesztő kb. 6000 fehérjéjének, és e fehérjék 200 ezer kapcsolatának csak egy töredékét tüntettem fel, a baloldali, listázott forma ezekből is csak egy töredéket ad meg.)

masszív mennyiségű szintézisére a stresszben nincs szükség. Ilyenkor erre nincs is lehetőség, hiszen a stresszben nagyon lecsökken a sejt energiája. Ugyanakkor ilyen körülmények között egy sor olyan funkció válik nagyon fontossá, amelyek az élesztősejt túlélését segítik. A stressz során a túlélést segítő funkciók úgy szerveződnek a fehérje-fehérje kölcsönhatási hálózatban, hogy azok a fehérjék, amelyek az egyes túlélési funkciókat kódolják, nagyon szoros és nagyon tartós kapcsolatba lépnek egymással. Hálózatos nyelvzetben ezt úgy fogalmazzuk, hogy azok a csoportok, amelyek a fehérje-fehérje kölcsönhatási hálózatokon belül vannak, a stressz hatására nagyon szoros kapcsolatrendszer alakítanak ki egymással. Ezzel szemben a stresszhatást át nem élt élesztőben ugyanezek a csoportok egymásba átfolyva, egymással nagyon-nagy átfedésben, egymástól nagyon megkülönböztethetetlenül vannak jelen az élesztősejtben.

Összefoglalva az eddigiekben ismertetett első példát, úgy fogalmazhatok, hogy stressz hatására az élesztő fehérje-fehérje kölcsönhatási hálózatának a csoportjai szétválnak, és egymástól elkülönülnek. Ezt a választ az emberek is ismerik. Társadalmi válság esetén a társadalmi hálózatokban erősen érzékelhető a „fogjunk össze”, a „legalább a mi kis csoportunk fogjon össze” reflexválasza.

Nagyon fontos azonban, hogy van egy olyan válaszjelenség, amelyet az élesztő tud, és amelyet mi, emberek nem annyira. Az élesztő tudja, hogy a válságban az egyik legfontosabb túlélési válasz az, hogy a csoportok között fenn kell tartani a kapcsolatokat. Sőt! Éppen válságban kell az igen távoli csoportok között új és új kapcsolatokat teremteni. Ezzel összhangban azt találtuk, hogy számos olyan fehérje jelenik meg az élesztőben a stressz alkalmával, amelyek egymástól nagyon távoli csoportokat kötnek össze (Mihalik és Csermely, 2011). Az emberi krízishelyzetekben ez a válasz sokkal ritkább. Érdemes tehát abból a szempontból is megfigyelnünk a biológiai hálózatokat, hogy saját viselkedési mintázatainkat is át tudjuk alakítani a társadalmi túlélés érdekében.

Hogyan változnak meg a bennünk lévő és a minket körülvevő hálózatok?

A második hálózatos alkalmazkodási mechanizmus két egymástól nagyon különböző komplex rendszer leírásával közelíthető meg.

Az egyik fajta rendszer *plasztikus*. Az ilyen rendszer olyan puha, mint mondjuk az a kabát, amit az ember visel. A kabátnak az a tulajdonsága, hogy alkalmazkodik ahhoz a formához, amire rákérül. Ha a gazdája viseli, akkor az ő formájához adaptálódott, de ha a gazdája leveti, és ledobja a földre, akkor a padló formájához adaptálódik. Tehát egy ilyen puha, plasztikus rendszer mint a kabát, gyors adaptációra képes. Úgy is mondhatnánk, hogy a kabátnak ez az előnye egyben a legnagyobb hátránya is, mert ha teljesen plasztikus, mást sem tud csinálni, csak adaptálódni.

Ezzel szemben egy olyan merev rendszer, mint egy asztal, nem képes adaptálódni. Az asztal optimalizált helyzetben rögzítette a formáját. Arra szolgál, hogy rá lehessen tenni valamit. Az asztal tehát csak egy dolgot tud. De ezt az egy dolgot az asztal nagyon jól tudja, mert egész élete során emlékszik arra, hogy mi ennek a feladatnak az optimális megoldása. Az asztal lapos, vízszintes, a felülete nagy: ideális tehát arra, hogy rátegyünk valamit, és az ott meg is maradjon. A merev rendszereknek az az óriási előnye, hogy nagy az emlékezőképességük, azaz megőrzik azt a tulajdonságot, amelyet valaha megtanultak. Ugyanakkor a merev rendszereknek óriási hátrányuk is van, az, hogy nem képesek ezen változtatni, azaz nem képesek az adaptációra. A plasztikus rendszerek viszont képesek adaptálódni, de az a hátrányuk, hogy nincsen memóriájuk, azaz nem képesek megőrizni az adaptáció eredményét. Ezt a tulajdonságot a tudományban a „stability plasticity dilemma”-nak nevezték el (Mermillod, 2013).

Amikor 2012 májusában a Rockefeller Alapítvány meghívására a bellagioi Serbelloni palotában tölthettem egy hónapot, egy tudományos összefoglaló cikk (Gyurkó et al, 2014) megírása közben kezdtek érlelődni bennem azok a gondolatok, hogy ez a plasztikus/merev viselkedés messze nemcsak az agyunkra, hanem minden más komplex rendszerre is egyformán igaz. Erről azóta számos cikket közöltünk (Gáspár és Csermely, 2012; Csermely et al. 2013; Csermely et al., 2015). Közben az is kiderült, hogy a komplex rendszerek változtatni tudják a merev/plasztikus állapotukat. Amikor merev állapotból plasztikus állapotba mennek át, akkor a tanulóképességük nő meg. Amikor pedig plasztikus állapotból merev állapotba mennek át, akkor az optimumot kiválasztó és megtartó képességük, azaz a memóriaképességük nő meg. Egy komplex rendszer akkor tud optimálisan alkalmazkodni környezetének a megváltozásaihoz, ha mind a két irányba változik. Plasztikusból

merev lesz, és utána merevből plasztikus. A komplex rendszerek nagyon sokszor ezt a változássorozatot ciklikusan többször lejátsszák.

A következő részben három példát mutatok be a plasztikus és a merev rendszerek különbségeire. Az első példa a fehérjék példája. Főszereplői azok a molekuláris chaperonok, hősokk-fehérjék, amelyeket a cikk elején már említettem. A chaperonok arra valók, hogy segítsék a sejtben lévő többi fehérje betekerődését. Hogyan segítik ezt a folyamatot? Úgy, hogy először széthúzzák a betekeredésre váró fehérjéket. Ez történhet úgy is, hogy rájuk „ülnek”, és összenyomják őket, de akár úgy is, hogy a két szélüket széthúzzák. A lényeg ugyanaz. Amikor a betekerődő fehérje megfeszült azért, mert a chaperonok (adenozin-trifoszfát energiájának a felhasználásával) őt széthúzták, akkor a betekerődő fehérje egy merevebb állapotba került annál, mint amiben előzőleg volt. A széthúzás után a molekuláris chaperonok eleresztik a betekerődő fehérjét. Az eleresztés során a betekerődő fehérje puhább, plasztikusabb lesz, és így esélye lesz arra, hogy megtalálja a saját natív, helyes állapotát. Ez a ciklus többször ismétlődik. Ha az első kör után nem sikerült még megtalálni a betekerődő fehérjének a helyes állapotát, tehát nem sikerült ebben a merev → plasztikus átmenetben egy optimumhoz eljutnia, akkor utána megint széthúzza a molekuláris chaperon. Ebben a második körben a plasztikus állapotból újra merev állapotot vesz fel a betekerődő fehérje, majd megint elereszti őt a molekuláris chaperon, azaz merev állapotból újra plasztikus állapotúvá válik, és így tovább (Csermely, 1999; Tompa és Csermely, 2004). Tehát a fehérjék segített betekerődése a szervezeten belül plasztikus → merev állapotváltozások sorozataként fogható fel. Ennek eredményeként a fehérje vagy megtalálja az optimális szerkezetet, a globális optimumot, vagy sem. Ha nem, akkor a sejt a sérült fehérjét lebontja, kidobja. Messze nem mindegy tehát, hogy a tekeredési folyamat plasztikus → merev megváltozásainak sorozata létrejön-e, avagy sem.

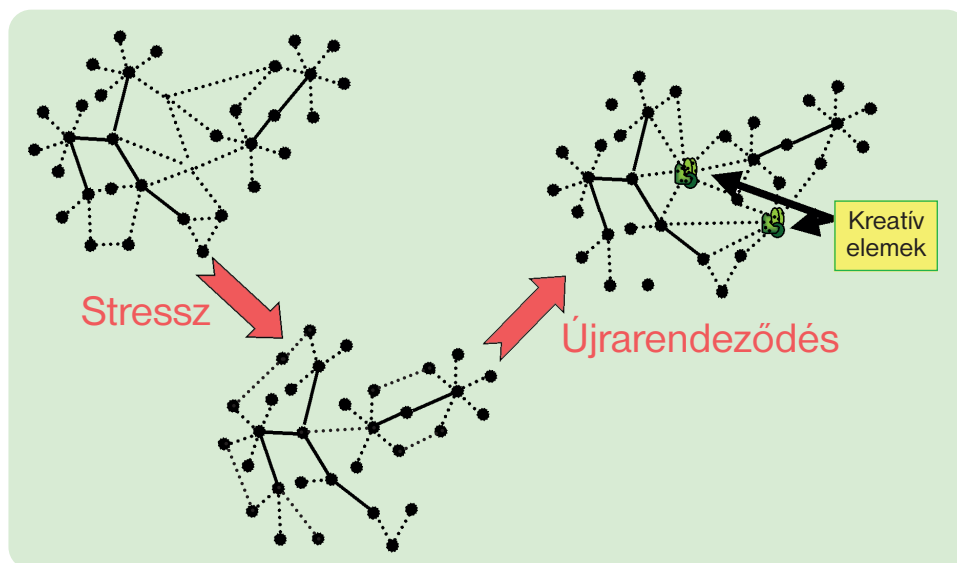
A matematikában a „simulated annealing” (szimulált hűtés) optimalizációs folyamatát általában úgy végzik, hogy csak egyszer melegítik fel a rendszert (ahol a „felmelegítést” persze csak képzetesen értem), és utána csak egyszer hűtik le. Ha ezt a folyamatot úgy képzeljük el, hogy a lehűtés után a rendszert felmelegítjük még egyszer, majd lehűtjük megint, majd felmelegítjük még egyszer, majd lehűtjük megint, akkor a globális optimumot nagyobb hatékonysággal lehet megtalálni, semmint hogyha ezt a fűtési/hűtési ciklust csak egyszer csináltuk volna meg (Möbius et al., 1997).

A plasztikus → merev átmenetekre a második példám a rákos őssejtek példája. Egyre több kísérletes eredmény igazolja azt, hogy

a rákot leginkább fenntartó sejtípus, amelyet rákos őssejteknek hívunk, szintén plasztikus és merev állapotok között ingadozik (Csermely et al. 2015). A gyógyulást igencsak meggátló, nagy probléma itt a következő: a rák ellen ható gyógyszerek döntő többsége vagy a rákos őssejtek plasztikus állapota ellen, vagy a merev állapot ellen hatékony. Ezeket a rákellenes terápiákat sajnos nagyon jól ki tudja kerülni a rákos őssejt, amely plasztikus lesz, ha a merev állapotát támadom, és merev, ha a plasztikus állapota ellen adok gyógyszert. A rákos őssejtek plasztikus és merev állapotai közötti változásait nem utolsósorban az okozza, hogy az ezeket a sejteket felépítő hálózatok plasztikussága, illetve merevsége a környezeti változásainak hatására megváltozik. Nagyon izgalmas lesz majd az a gyógyszerfejlesztési stratégia, ahol egyszerre lehet majd plasztikus és merev állapot ellen gyógyszereket találni, és alkalmazni ilyen típusú betegségeknél.

A harmadik példám a plasztikus és merev állapotok váltakozására az idegsejt. Az Amerikai Tudományos Akadémia lapjában, a PNAS-ben 2011-ben jelent meg Bassett és munkatársainak egy igen érdekes cikke (Bassett et al, 2011), amelyben fMRI eljárással mérték, hogy egy egyszerű, zongorajátékot imitáló tanulási folyamat során hogyan változott meg egészséges, önkéntes embereknek az agya. A mérési eredményeket abból a szempontból értékelték ki, hogy az agy aktív idegsejtjei milyen más, aktív idegsejtekkel voltak egy csoportban. Úgy definiálták az agynak a plaszticitását ebben a kísérletben, hogyha az aktív idegsejtek a tanulás során szétkapcsolódtak attól az aktív idegsejtcsoporttól, amelynek eredetileg a tagjai voltak, és egy másik aktív idegsejt-csoport tagjaivá váltak, akkor azt mondták, hogy az agy plasztikus. Ha azonban az aktív idegsejtek nem hagyták el az eredeti csoportjukat, akkor azt mondták, hogy az agy merev. A tanulási folyamat során a magukat csoporthoz rögzítő, tehát a merevnek tartott idegsejtek száma megnőtt. Ha nagyon egyszerűsítsem az üzenetet – és itt elnézést kérek az idegtudományokkal foglalkozó Olvasóktól –, akkor azt tudom mondani, hogy tanulás közben az agy merevedik. Nagyon érdekes az az eredménye is az idézett kutatócsoportnak (és most megint elnézést kérek az egyszerűsítését), hogy az eleve „téglamerev agyú” emberek képtelenek voltak hatékonyan tanulni. Ez az egyszerűsített értelmezés persze szinte közhely, de milyen nagyszerű, hogy ez a megfigyelés hálózatos szempontból is bizonyítható.

Az utolsó példám az énekesmadarak énektanulása. Akik mártánnal foglalkoznak, azok tudják, hogy az énektanulás fontossága leginkább a hímeknél figyelhető meg. Ugyanis egy hím énekesmadárnak nem nagyon lesz nőstény párja akkor, ha rosszul



Hálózatok szerkezetének megváltozása stressz hatására. Stressz (vagy forráselvonás) hatására a hálózatok csoportjai kondenzálóbbak, sűrűbbek lesznek. (Ami szociális hálózatok esetén a „Tartsunk össze a bajban!” viselkedésmódjával írható le.) Ezzel párhuzamosan azonban a csoportok közötti kapcsolatrendszer is megritkul. Az élesztősejt fehérje-fehérje kölcsönhatási hálózatában a stressz közben a csoportok között (gyakran a csoportokat összekötő kreatív elemek, amelyek sokszor chaperonok, segítségével) teljesen új kapcsolatok is kialakulnak, amelyek elősegítik a stressz utáni sikeres adaptációt

énekel. Azaz a hím számára létfontosságú, hogy szépen énekeljen. Derégnaucourt-nak és munkatársainak 2005-ben a *Nature*-ben megjelent közleménye (Derégnaucourt et al. 2005) nagyon szépen megmutatta, hogy a kismadaraknak akkor, amikor az első nap kikerülnek a párválasztó szintérré fiókaként, és megtanulják életük első énekét, gyönyörűen fejlődik az énektudásuk a nap folyamán. A nap végére már egészen bonyolult trillákat énekelnek. De mi történik utána? Éjjel, madáralvás közben, a fiókák jelentős részben elfelejtik a megtanult énektudást, és másnap kezdenek az egészet majdnem előlről. Ennyire hülye lenne az evolúció, hogy ilyen madarakat fejlesztett ki? Nem! Amikor a fiókák „újra” megtanulnak egy éneket, az nem pontosan ugyanaz lesz, mint ami az előző napi ének volt, hanem annál jobb. Másnap megint elfelejtjenek ebből az énekből egy darabot, és ismét megtanulnak egy még jobb éneket. És így tovább húsz, de akár harminc napon keresztül is. Más közlemények (Balmer et al. 2009; Day et al. 2009) azóta igazolták, hogy a kismadarak agyának az énektanuláért felelős központjában a szinaptikus plaszticitás csökken (vagyis a madarak agya merevebbé válik) akkor, amikor a madár éppen megtanult egy éneket, utána pedig, alvás közben, az agy újra plasztikusabbá válik azért, hogy a madár megtanulhasson egy új éneket. A fióka énektudása csak akkor lesz optimális, ha az agya legalább húsz-harminc ilyen merev → plasztikus ciklust végigjátszott. Nemrégiben kiderült az is, hogy a kisgyerekek szótanulása közben is pontosan ugyanilyen folyamatok játszódnak le (Lipkind et al. 2013).

Ennek a példának az a tanulsága, hogy egyszer megtanulni valamit nem elég. Ha a tulajdonunkként kezeljük életünk első ötletét, és rettegünk attól, hogy elveszíthetjük, és a halálunkig ragaszkodunk hozzá, akkor soha nem lesz ennél jobb második ötletünk, mert soha nem leszünk képesek elereszteni az első ötletünket. Ez a tanulság megint csak olyan, ami messze nemcsak a tanulási folyamatokra, hanem az ember egész életére igaz.

A kreativitás hálózatos értelmezése

Az énekesmadarak énektanulásával és az egész hálózatos plasztikus → merev átmenetekkel nagyon szorosan összefügg a kreativitás hálózatos értelmezése. Ha valakit megkérdeznénk az utcán, hogy mi is az a kreativitás, valószínűleg valami olyasmit mondana, hogy a kreativitás valami rendkívüli, érdekes, új, meglepő dolog. Aki kreatív, az olyasmit tesz, amire nem számítottunk, ami tényleg új, ami meglepő, ami originális, eredeti. A kreativitás tehát nagyon összefügg a játékossgal, a plasztikus, a sok mindenre figyelő, és a sok mindenre reagáló állapottal.

Bolyai Farkas „Az arithmetika eleje” című könyvében így fogalmazta meg a játék gondolatformáló erejét: „Mindenekfelett játszódjék és nőjjon a gyermek: a szüntelen való tanítás elnyomja a növés erejét, s az esztet, mint az országút, olyan meddővé teszi.” (Bolyai, 1830). Hálózatos módon ezt talán úgy lehetne megfogalmazni, hogy a kreatív nódusz a hálózatoknak az az eleme, amelyik nem rögzíti magát egy bizonyos hálózatos csoporthoz, hanem nagyon intenzíven, nagyon dinamikusan megváltoztatja a helyét a hálózatokban (Csermely, 2008). Nem lehet nem észrevenni, hogy a kreatív nódusz pontosan az a csoportváltoztató aktív idegsejt, amely az előző példában a tanulás záloga volt. Hadd utaljak vissza a korábban említett Poincaré idézetre is. Egy kreatív nódusz a vándorlásai során olyan ismereteket szed össze, amelyek mindegyike egymástól addig elzárt, és nagyon különböző területekről érkezett. Ha a kreatív nódusz ezeket az ismereteket összegzi, olyan megoldásokra képes, amelyek gyökeresen újak lesznek, tehát kreatívak.

Fontos azonban megjegyezni azt is, hogy nem minden fajta kreativitás hasznos. Ha egy villa úgy dönt, hogy ezentúl nem villaszerűen viselkedik, hanem úgy állnak majd a fogai, mint egy szé-

naboglya, az lehet, hogy nagyon játékos tett, de kreatívnak nem biztos, hogy mondanám, mert az ilyen villa bizony évszázadokig nem nagyon lesz használható. (Hacsak nem pálcikaként használjuk valami kínai étteremben.) Nem annyira kreatívnak mondható tehát ez a viselkedés, hanem talán inkább lázadónak, nonkonformnak.

A leírtakból következően, a kreativitásban nemcsak a plasztikus viselkedés, az eredetiség, a meglepetés a fontos, hanem ennek ötvöződnie kell egyfajta minőséggel, hasznossággal, tradícióval, azaz egyfajta merev viselkedéssel is. Míg a plasztikus, játékos viselkedés explorál, azaz felfedezi a lehetséges megoldási módokat, addig a merev viselkedés exploítál, azaz szelektál a korábban megtalált módszerek között, és kiválasztja belőlük az optimálisat.

A kreativitás kettős természetét azzal a mottóval lehet összegezni, hogy akkor viselkedünk ügyesen az életünkben, ha a páros napokon bölcs, idős emberek tudunk lenni, a páratlan napokon pedig játékos fiatalok.

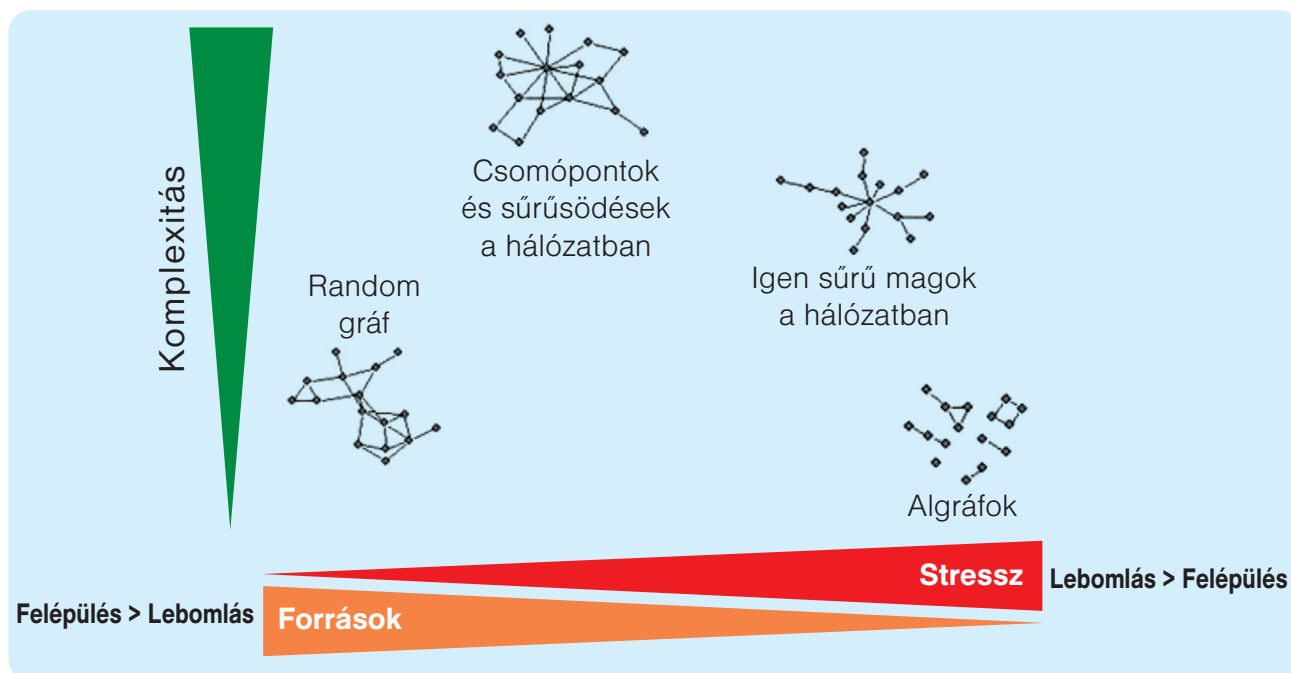
Hogyan tudjuk megváltoztatni a hálózatokat?

Hogyan tudjuk megváltoztatni a bennünk lévő és a minket körülvevő hálózatokat? Erre a kérdésre a választ három gondolatban foglalom össze. Az elsőnek az a lényege, hogy nagyon nem mindegy a beavatkozás tervezésekor, hogy az a hálózat, amelyiket meg szeretnénk változtatni, vajon plasztikus-e avagy merev? Teljesen más eszközökkel kell ugyanis hozzányúlni egy plasztikus és egy merev hálózathoz. Miért? Egy plasztikus hálózat, mint a már korábban említett kabát, igen gyorsan eltűnteti azt a hatást, ami őt éri. Ezzel ellentétben, egy merev hálózatban a hatások nem tűnnek el, nem disszipálódnak, és ezért messzire el tudnak jutni. A merev hálózatra az asztalt hoztam példaként. Ha egy asztalt megkopogtatunk, a hangot sokan fogják meghallani azért, mert az a hatás, amit az asztalra gyakoroltunk, nem tűnt el, nem disszipálódott, hiszen az asztal merev. Ha azonban egy plasztikus kabátot kopogtatnánk meg, azt nem hallaná meg senki. Azért nem halljuk a kabát megkopogtatását, mert a kabát plasztikus hálózata azonnal elnyeli a kopogtatást, hiszen hővé alakítja, disszipálja.

Ebből az következik, hogyha egy plasztikus hálózatot szeretnénk megváltoztatni, akkor a változtatást nem szabad a hálózat szélén kezdenem. Gondoljanak bele: hiába pöcköljük meg egy kabátnak a szélét, a kabát közepével semmi sem fog történni, mert a kabát plasztikus, és a közepéig a pöckölő hatás nem fog elérni. Tehát az egyedüli megoldás egy plasztikus hálózat megváltoztatására az, ha a közepét próbálom meg eltalálni, és azt lehetőség szerint nagyon alaposan (Csermely et al. 2013).

Természetesen egy merev hálózatnál is nagyon kiváló, ha én a közepét akarom eltalálni, mert így aztán biztos, hogy hatást fogok elérni a merev hálózatban. Ezzel a kiváló megoldással csak egyetlen baj van, de az nagy. A merev hálózat ugyanis nem fogja az én hatásmat disszipálni. Azaz, ha én telibe találok egy merev hálózatot a kellős közepén, akkor igen alaposan túlgerjeszthetem az egészet, sőt, akár még tönkre is tehetem. Ha a hálózat emberi sejt volt, és beavatkozásom egy gyógyszer, akkor egy merev sejt hálózat közepének a telibe találása esetén mellékhatásokkal, vagy akár toxicitással, azaz a beteg megmérgezésével is számolnom kell. Sokkal célravezetőbb tehát, ha a merev hálózatnak nem a közepén lévő nóduszait találok el, hanem ezen nóduszoknak a szomszédjait. Ugyanis a közepén lévő nóduszok szomszédjait eltalálva, olyan módon tudom befolyásolni a közepén lévő nóduszokat, hogy a hatás szelektív legyen (Csermely et al. 2013).

A plasztikus sejt hálózatok közepükön történő befolyásolására az antibiotikumok igen jó példák. Az antibiotikumok olyan sejtekre hatnak, amelyek baktériumként, parazitaként nagyon erősen elkezdtek osztódni a szervezetünkben. A gyorsan osztódó sejt hálózata plasztikus, mert egy ilyen hálózatnak állandóan változ-



A hálózatok szerkezetének átalakulásai fokozódó válság hatására. Az ábra „stressz-skálája” a forrásokkal teljesen ellátott (stresszmentes) állapottól (az ábra bal oldala, ahol a kapcsolatok felépülése dominál lebomlásuk felett) a végtelenen kiélezett stressz állapotáig (az ábra jobb oldala, ahol a kapcsolatok lebomlása dominál felépülésük felett) terjed. A függőleges tengelyen a kialakult szerkezet bonyolultságának (komplexitásának) hozzávetőleges mértékét tüntettem fel

nia kell a sejtciklus változásai és az osztódó sejt környezetének a változásai miatt. Az antibiotikumok jelentős része úgy hat, hogy a sejt hálózatoknak egy központi nóduszát találják el. Ezzel az antibiotikum igen alapos hatást okoz. Ez sokszor olyan erős, hogy a hálózattal jellemezhető fertőző baktérium vagy parazita az antibiotikum hatására (szerencsére) meg is hal (Csermely et al. 2013).

A bakteriális sejtekkel ellentétben, a differenciált sejtek, azaz például a különböző emberi szövetek sejtjei állandó környezetben vannak, amelyhez optimalizálódtak. A differenciált sejtek hálózatai sokkal merevebbek, mint a baktériumok hálózatai. Nem csoda tehát, hogy e merev hálózatok közepére ható gyógyszerek sokszor váratlan mellékhatásokat okoznak. Az olyan gyógyszerek, mint a rapamicin vagy a közismert aszpirin, amelyek közül az aszpirin legalább ötven célpont ellen hat egyszerre, úgy hatnak, hogy nem pont azon a fehérjén fejtik ki a hatásukat, amely a betegségben a leginkább érintett, hanem egy mellette lévő fehérjéhez kapcsolódnak (Nussinov et al. 2011; Csermely et al. 2013).

Az olyan gyógyszereknek a száma ma még viszonylag kevés, amelyekről biztosan tudjuk, hogy a betegségekben érintett fehérjék mellett hatnak, mert ez a hálózatos vizsgálatssorozat még nagyon új gondolatokon alapul. Azonban a munkacsoportom is már sok olyan módszert azonosított, amellyel a hatékony (de nem okvetlenül mind középponti) hálózatos nóduszokat meg lehet találni. Ezek a módszerek a csoportom honlapjáról (www.linkgroup.hu) mind szabadon letölthetők. A hatékony nóduszokat azonosító módszerek között van olyan, amelyik a csoportok magját találja meg (www.modules.linkgroup.hu, Kovács et al. 2010; Szalay-Bekő et al. 2012). Van olyan módszer, amelyik azokat a nóduszokat találja meg, amelyek a hálózatos nóduszok játékelméleti (például fogolydilemmában mutatott) együttműködését a legjobban megbontják vagy éppen megalapozzák (www.NetworkGame.linkgroup.hu; Simkó és Csermely, 2013). Van egy olyan módszerünk is (www.Turbine.linkgroup.hu, Szalay Kristóf kiváló munkája; Szalay és Csermely, 2013; Szalay, 2014), amelyik a hálózatos jeleknek és zajoknak, azaz összefoglaló néven a perturbációknak a terjedését vizsgálja. Ezzel az utóbbi módszerrel foglalkozom cikkem hátralévő részében.

cióknak a terjedését vizsgálja. Ezzel az utóbbi módszerrel foglalkozom cikkem hátralévő részében.

Szalay Kristóf PhD-hallgatóm és barátom az elmúlt néhány évben fejlesztette ki a Turbine eljáráscsomagot, amelynek a Designernek elnevezett része olyan hálózatos nóduszcsoportokat keres meg, amelyeket, ha egyszerre aktiválunk (vagy gátolunk), akkor a hálózattal leírt komplex rendszer az aktuálisan jellemző állapotából egy általunk kívánt állapotba átvihető lesz. Ennek az eljárásnak a jelentőségét az adja, hogy az aktuális állapot lehet egy emberi sejt beteg állapota, a kívánt állapot pedig az egészséges állapot. Azaz a Turbine programcsomag Designer modulja alkalmas olyan gyógyszer-célpont-csoportok megtalálására, amelyek egyidejű befolyásolásával egy adott betegség gyógyítható (Szalay, 2014). Egyre több hatékony gyógyszerrel derül az ki, hogy ilyen „multi-target” gyógyszer (Csermely et al. 2005).

A Turbine Designer program hatékonyságának illusztrálásaként először egy egyszerű modellkísérletet foglalkozok össze. Kristóf barátom az élesztő már korábban említett fehérje-fehérje kölcsönhatási hálózatában kiválasztott három fehérjét. Megadta azt a Turbine Designer programnak, hogy milyen hatás éri ezeket a fehérjéket egy-egy előre megadott, egymástól különböző információterjesztő lépésben. A vizsgálatban CDC28 nevű fehérjét száz-ezer egység hatás érte, a GSY2-fehérjét ötvenezer egység hatás érte, az SLT2-fehérjét pedig nyolcezer egység hatás érte. Kristóf kiszámoltatta a Turbine programmal azt, hogy tizenöt információterjesztő lépés után milyen állapotba kerül az az élesztőfehérje-fehérje kölcsönhatási hálózat, amelyet pontosan ilyen hatások értek a kísérlet során. A 15. lépésben mutatott végállapot kiszámolása után Kristóf már csak ezt, a végállapotra vonatkozó információt hagyta meg a Turbine programnak. Ezek után megkérdezte a Turbine Designer programot, hogy rájön-e arra, milyen hatások eredőjeként állt elő pontosan az a végállapot, amibe az élesztőfehérje-fehérje kölcsönhatási hálózata a 15. információterjesztő lépés után került. A Turbine Designer program a következő választ adta a feltett kérdésre: egy ilyen végállapot akkor áll elő, ha az

élesztőfehérje-fehérje kölcsönhatási hálózata összesen 2444 fehérjéjéből csak három fehérjét aktiválunk, még hozzá a CDC28-fehérjét, a GSY2-fehérjét és az SLT2-fehérjét. Tehát a program eltalálta mind a három aktivált fehérjét. Sőt. A program eltalálta precízen azt is, hogy mekkora hatást kell gyakorolni ezekre a fehérjékre ahhoz, hogy a kívánt végállapot előjőjön, és még majdnem azt is, hogy ezeket a hatásokat hányadik információterjesztő lépésben kell a rendszerbe juttatni. Ha összevisszítjuk az eredményt, akkor azt kapjuk, hogy a Turbine Designer program 99,4%-os, tehát majdnem teljes pontossággal tudta megmondani azt, hogy egy bonyolult rendszer adott végállapotát milyen kiindulási hatások összegzésékeként lehet előállítani (Szalay, 2014).

Természetesen nagyon örültünk ennek az eredménynek. Anyyira, hogy vérszemet kaptunk, és jó néhány olyan rendszert megvizsgáltunk, amelyek immár a gyógyításhoz közelebb állnak. Ezek egyike egy leukémiás sejtnak a jelátviteli hálózata volt (Zhang et al. 2008). Nem minden leukémiás sejtfehérje van benne ebben a hálózatban, csak az a 60 fehérje, amelyek az emberi T-limfocita-sejtek rákos folyamataiban valamilyen fontos szerepet játszanak. A következő volt az indító kérdésünk: hogyha a kiindulási állapot egy interleukin-7 citokinnel történő aktiváció után beállt aktív osztódó (rákos) állapota a T-limfocitáknak, akkor vajon hogyan lehet elérni azt az egészséges célállapotot, amelyben a limfociták nem fognak gyorsan osztódni? Feltéve ezt a kérdést a Turbine Designer programnak, a program a következő három fehérje megváltoztatását javasolta: aktiválni kell az interferon-alpha-1 és a CD45-ös fehérjét, és ezzel párhuzamosan gátolni kell a foszfolipáz C-gamma-1-et ahhoz, hogy a T-limfociták a gyorsan osztódó (rákos) állapotból a gátolt (egészséges) állapotba kerülhessenek. Nagyon érdekes tanulsága volt ennek a szimulációnak az, hogy amikor az irodalomban megvizsgálta az ember az addig közölt eredményeket, kiderült, hogy az interferon-alpha-1 aktiválásának és a foszfolipáz C-gamma-1 gátlásának a szimulációs eredményekkel megegyező hatásait már korábban igazolták (Goldstein és Laszlo, 1988; Sala et al. 2008). Még izgalmasabb volt az, hogy a szimuláció eredménye után közölték azt a cikket, amely a CD45 aktiválásának hasonló hatásáról számolt be (Porcu et al. 2012). Vizsgálataink nagyon érdekes tanulsága volt az is, hogy a javasolt három beavatkozást egyszerre elvégezve, a szimuláció azt mutatta, hogy a rákos sejtek nemcsak abbahagyják az osztódást, hanem bennük a programozott sejtihalál (az apoptózis) mechanizmusa is aktiválódik. Mivel az apoptózis „becsomagolja” a haldokló sejteket, és így – más sejtihalálformákkal, például a nekrozissal ellentétben – nem okoz gyulladásos jelenségeket, a Turbine Designer által tervezett gyógyszeres beavatkozás az egyik lehető leghasznosabb hatást fejtheti ki (Szalay, 2014).

Összefoglalás

A cikkben leírtak legfontosabb üzenetei a következők. Az első úgy fogalmazható meg, hogy a hálózatok merevségének és plaszticitásának a változásai úgy tűnik, igen fontos és a természetben nagyon általánosan előforduló adaptációs mechanizmust írnak le. A második megállapítás az, hogy plasztikus hálózatokat a központi nóduszaikon keresztül érdemes megtámadni, a merev hálózatokat viszont a központi nóduszaikkal szomszédos nóduszaikon érdemes befolyásolni ahhoz, hogy hatékony, de ugyanakkor a hálózatot kímélő beavatkozást érthessünk el. Végezetül fontos tanulság az is, hogy a hálózatos beavatkozási pontok, így a gyógyszer-célpontok szimulációs módszerekkel jól megjósolhatók. 🌟

Köszönetnyilvánítás

Köszönöm a hálózatkutató csoportomnak (www.linkgroup.hu) a kiváló együttes munkát. A kutatásaimat 1992 óta folyamatosan az OTKA támogatta, jelenleg a K83314-es támogatással.

Irodalom

- Balmer, T. S. – Carels, V. M. – Frisch, J. L. – Nick, T. A. 2009: Modulation of perineuronal nets and parvalbumin with developmental song learning – *J. Neurosci.* 29. 12878–12885.
- Barabási A.L. 2013: Behálózva. A hálózatok új tudománya – Helikon Kiadó, Budapest, 320 p.
- Bassett, D.S. – Wymbs, N.F. – Porter, M.A. – Mucha, P.J. – Carlson, J.M. – Grafton, S.T. 2011: Dynamic reconfiguration of human brain networks during learning – *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 108. 7641–7646.
- Bolyai F. 1830: Az aritmetika eleje – Felső Visti Kali József, Marosvásárhely, 162 p.
- Csermely P. – Ágoston V. – Pongor S. 2005: The efficiency of multi-target drugs: the network approach might help drug design – *Trends Pharmacol. Sci.* 26. 178–182.
- Csermely P. – Hódsági J. – Korcsmáros T. – Módos D. – Perez-Lopez A.R. – Szalay K. – Veres D.V. – Lenti K. – Wu, L.Y. – Zhang, X.S. 2015: Cancer stem cells display extremely large evolvability: alternating plastic and rigid networks as a potential mechanism. Network models, novel therapeutic target strategies and the contributions of hypoxia, inflammation and cellular senescence – *Seminars in Cancer Biology* 30. 42–51.
- Csermely P. – Korcsmáros T. – Kiss H. J. M. – London G. – Nussinov, R. 2013: Structure and dynamics of biological networks: a novel paradigm of drug discovery. A comprehensive review – *Pharmacol. Therap.* 138. 333–408.
- Csermely P. 1999: The “chaperone-percolator” model: a possible molecular mechanism of Anfinsen-cage type chaperone action – *BioEssays* 21. 959–965.
- Csermely P. 2005: A rejtett hálózatok ereje – Vince kiadó, Budapest, 376 p.
- Csermely P. 2008: Creative elements: network-based predictions of active centres in proteins, cellular and social networks – *Trends Biochem. Sci.* 33. 569–576.
- Day, N. F. – Kinnischtzke, A. K. – Adam, M. – Nick, T. A. 2009: Daily and developmental modulation of “premotor” activity in the birdsong system – *Dev. Neurobiol.* 69. 796–810.
- Derégnaucourt, S. – Mitra, P.P. – Fehér, O. – Pytte, C. – Tchernichovski, O. 2005: How sleep affects the developmental learning of bird song – *Nature* 433. 710–716.
- Fehér, O. – Ravbar, P. – Okanoya, K. – Tchernichovski O. 2013: Stepwise acquisition of vocal combinatorial capacity in songbirds and human infants – *Nature* 498. 104–108.
- Gáspár E. M. – Csermely P. 2012: Rigidity and flexibility of biological networks – *Briefings Funct. Genomics* 11. 443–456.
- Goldstein, D. – Laszlo, J. 1988: The role of interferon in cancer therapy: a current perspective – *CA Cancer J. Clin.* 38. 258–277.
- Gyurkó D. – Söti Cs. – Steták A. – Csermely P. 2014: System level mechanisms of adaptation, learning, memory formation and evolvability: the role of chaperone and other networks – *Curr. Prot. Pept. Sci.* 15. 171–188.
- Kovács I.A. – Palotai R. – Szalay M.S. – Csermely P. 2010: Community landscapes: a novel, integrative approach for the determination of overlapping network modules – *PLoS ONE* 7. e12528.
- Lipkind, D. – Marcus, G.F. – Bemis, D.K. – Sasahara, K. – Jacoby, N. – Takahashi, M. – Suzuki, K. – Mermillod, M. – Bugaiska, A. – Bonin, P. 2013: The stability-plasticity dilemma: investigating the continuum from catastrophic forgetting to age-limited learning effects – *Front Psychol.* 4. 504.
- Mihalik A. – Csermely P. 2011: Heat shock partially dissociates the overlapping modules of the yeast protein-protein interaction network: a systems level model of adaptation – *PLoS Comput. Biol.* 7. e1002187.
- Möbius, A. – Nekliudov, A. – Díaz-Sánchez, A. – Hoffmann, K.H. – Fachat, A. – Schreiber, M. 1997: Optimization by thermal cycling – *Phys. Rev. Lett.* 79. 4297–4301.
- Nussinov, R. – Tsai, C.-J. – Csermely P. 2011: Allo-network drugs: harnessing allostery in cellular networks – *Trends Pharmacol. Sci.* 32. 686–693.
- Poincaré, H. 1908: The foundations of science – Science Press, New York, 579 p.
- Porcu, M. – Kleppe, M. – Gianfelici, V. – Geerdens, E. – De Keersmaecker, K. – Tartaglia, M. – Foà, R. – Soulier, J. – Cauwelier, B. – Uytendaele, A. – Macintyre, E. – Vandenbergh, P. – Asnafi, V. – Cools, J. 2012: Mutation of the receptor tyrosine phosphatase PTPRC (CD45) in T-cell acute lymphoblastic leukemia – *Blood* 119. 4476–4479.
- Rutherford, S.L. – Lindquist S. 1998: Hsp90 as a capacitor for morphological evolution – *Nature* 396. 336–342.
- Sala, G. – Dituri, F. – Raimondi, C. – Previdi, S. – Maffucci, T. – Mazzeo, M. – Rossi, C. – Iezzi, M. – Lattanzio, R. – Piantelli, M. – Iacobelli, S. – Broggin, M. – Falasca, M. 2008: Phospholipase C-gamma-1 is required for metastasis development and progression – *Cancer Res.* 68. 10187–10196.
- Simko G.I. – Csermely, P. 2013: Nodes having a major influence to break cooperation define a novel centrality measure: game centrality – *PLoS ONE* 8. e67159.
- Szalay K. Z. – Csermely P. 2013: Perturbation centrality and Turbine: a novel centrality measure obtained using a versatile network dynamics tool – *PLoS ONE* 8. e78059.
- Szalay K. Z. 2014: Biológiai hálózatok dinamikájának vizsgálata – PhD értekezés, Semmelweis Egyetem, 120 p.
- Szalay-Békó M. – Palotai R. – Szappanos B. – Kovács I.A. – Papp B. – Csermely P. 2012: ModuLand plug-in for Cytoscape: determination of hierarchical layers of overlapping network modules and community centrality – *Bioinformatics* 28. 2202–2204.
- Tompa P. – Csermely P. 2004: The role of structural disorder in RNA- and protein chaperone function – *FASEB J.* 18. 1169–1175.
- Zhang, R. – Shah, M.V. – Yang, J. – Nyland, S.B. – Liu, X. – Yun, J.K. – Albert, R. – Loughran, T.P. Jr. 2008: Network model of survival signaling in large granular lymphocyte leukemia – *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 105. 16308–16313.

Biológiai hálózatok és az evolúció

Régóta ismert, hogy az élőlények legtöbb sajátosságát – a testmagasságtól az anyagcseréig –, sok gén együttes viselkedése határozza meg. A háttérben működő molekuláris eseményekről, azok kapcsolatairól és evolúciójáról tudásunk gyakran sekélyes. Annak vizsgálatára, hogy a sejt molekuláris alkatrészeinek összekapcsolásából hogyan jönnek létre a „többgénes jellegek” és azok hogyan változnak az evolúció során, a rendszerbiológia új megközelítést javasol. Ennek lényege a molekuláris biológiai és számítógépes modellezés újszerű ötvö-zése. A két megközelítés összekapcsolása olyan jelenségekre ad magyarázatot, amelyek már régóta foglalkoztatják a genetika művelőit. Kiderült, hogy a génkölsönhatási mintázatok mögött általános szabályszerűségek rejlenek, melyek magyarázatot adnak arra, hogy bizonyos gének mutációi miért képesek kiugróan sok más mutáció hatását tompítani vagy erősíteni. Az alábbi írásban a hálózatok és az evolúció kapcsolatát mutatjuk be példákon keresztül.

A géntérképezési eljárások automatizálásának és az internetes adatbázisok megjelenésének köszönhetően, hatalmas mennyiségű molekuláris információ vált elérhetővé a biológusok számára. Az elmúlt években nem csupán a *genomikai* adatok mennyisége öltött szinte ipari méreteket. A laboratóriumi technikák automatizálása és új eljárások felfedezése eredményeként ma már lehetőség van számos molekuláris biológiai és biokémiai vizsgálat nagyléptékű elvégzésére is. Az **1. táblázatban** a teljesség igénye nélkül sorolunk fel néhányat ezen új vizsgálati módok közül.

Genomléptékű vizsgálat típusa	Hivatkozás
Génkifejeződés (génexpresszió) mérése az mRNS szintjén	[16]
Génkifejeződés mérése a fehérjék szintjén	[17]
Fehérjék sejtben belüli elhelyezkedése	[18]
Fehérje-fehérje (fizikai) kölcsönhatások listája	[19]
Génkölsönhatások listája	[20]
Génkiütés sejtnevekedésre gyakorolt hatása	[4]

1. táblázat. A genomikai és posztgenomikai adatok főbb típusai

Jelent-e a biológiai információ ilyen mértékű megnövekedése valódi áttörést a sejt működésének megértésében? Vagy a biológiai kutatások egyfajta hatalmas katalógus részletes leírására szorítkoznának a jövőben? A jelen cikk írói szerint az első válasz áll közelebb a valósághoz. E gigantikus kísérletsorozat hatására új szakterületek születtek (vagy élnek reneszánszukat). Ezek egyike a rendszerbiológia. A rendszerbiológia alapvető célkitűzése, hogy a meglévő adatok alapján a sejt egy funkcionálisan jól körülhatárolható genetikai alrendszerét (pl. anyagcsere vagy sejtciklus) megvizsgálva azonosítsa a résztvevő géneket és azok kapcsolatrendszerét, azaz hálózatát. A rekonstruált biológiai hálózat sajátosságait számítógépes modellek segítségével elemzi, majd az előrejelzéseket újabb kísérletek révén teszteli. Érezhető, hogy ezek a modellek megkínázzák az adott kísérleti rendszer, azaz sejt minél részletesebb ismeretét. Ennek megfelelően rendszerbiológiai tudásunk

döntően a laboratóriumokban olyan gyakorta/régóta vizsgált élőlényekre korlátozódik, mint az egysejtű sörélesztő vagy a colibaktérium.

Felvetődhet a kérdés: miért van szükség egyáltalán számítógépes modellekre? Miért nem elég, ha egyszerűen számba vesszük az alkotó elemeket és azok kapcsolatrendszerét?

A számítógépes modellek előnye kettős. Egyrészt lehetővé teszi, hogy egy bonyolult hálózat az adott vizsgálat szempontjából fontos és kevésbé fontos alkotóit elkülönítsük, és jobban megértjük azok hatásmechanizmusait. A modellek például segíthetnek megérteni, milyen ellenőrző mechanizmusok garantálják, hogy a sejtosztódás szabályos legyen. Másrészt gyakran sikeresen jósolják meg különböző genetikai manipulációk, mutációk és környezeti változások hatásait. Ezáltal segítik (és akár irányítják is) újabb kísérletek tervezését, sőt ötleteket adhatnak, hogyan lehetne biotechnológiai céllal „feljavítani” a sejtet.

Konkrét példaként említve, mind elméleti, mind biotechnológiai felhasználás szempontjából fontos kérdés, hogyan lehet egyszerűsíteni egy adott egysejtű (pl. az *Escherichia coli*) genetikai állományát. Mely gének, géncsoportok azok, amelyek külön-külön és együtt is eltávolíthatóak a szervezetből anélkül, hogy a baktérium szaporodása komoly csorbát szenvedne laboratóriumi környezetben? Ezen géncsoportok azonosítása igen komoly informatikai feladat. Szerencsére ma már léteznek olyan bioinformatikai módszerek és rendszerbiológiai modellek, amelyek eredményesen jósolják meg az eltávolítható géneket.

Más elméleti szakterületekhez hasonlóan, a rendszerbiológia modelljei is többnyire egyszerűsítésekkel élnek, és számos molekuláris tényezőt (eleinte) figyelmen kívül hagynak. Mivel ez gyakran kivívja a kísérleti kutatók rosszállását, célszerű erről néhány szót ejteni. Az egyszerűsítés nem egyszerűen szükséges rossz ahhoz, hogy az elméleti kutató (vagy még inkább) számítógépe a problémát kezelni tudja. Ellenkezőleg: ha szeretnénk megérteni egy bonyolult biológiai jelenséget (pl. az anyagcserében résztvevő sok száz gén közül melyek szükségesek egy adott környezetben), ahhoz kezdetben olyan modellekre van szükség, amelyek az *Occam borotvája* elv mentén a lehető legkevesebb előfeltevéssel élnek. Az ilyen, gyakran szélsőségesen egyszerű modelleket fokozatosan célszerű fejleszteni, hogy lássuk, újabb biológiai tényezők figyelembevétele hogyan hat a modell sajátosságaira és előrejelzéseinek pontosságára. Ha ezt az elvet nem követnénk, modellünk könnyen olyan sorsra jutna, mint a birodalom térképe Jorge

Luis Borges egyik novellájában. Ebben az írásban a kínai császár meghagyja térképeszeinek, hogy egy tökéletes, minden részletre pontosan kiterjedő térképet készítsenek a birodalomról. Ehhez a hatalmas vállalkozáshoz persze az ország összes alattvalójára szükség van. A térkép természetesen soha nem készül el, hiszen az azonos méretű és részletességű lenne magával a birodalommal, s így teljesen felesleges és felfoghatatlan is egyben.

Az evolúciós kutatások természete

A biológiai evolúció jelenségét tanulmányozva lényeges tisztázunk, hogy miért fontosak az ezirányú kutatások, és van-e ezeknek bármilyen gyakorlati jelentősége.

Tinbergen – a Nobel-díjas etológus – szerint bármely biológiai jelenség vizsgálata során legalább két – egymást kiegészítő – kérdést kell feltennünk. Egyrészt alapvető megértenünk, hogyan működik az adott jelenség. Másrészt azt is tudnunk kell, hogyan és miért fejlődött ki az evolúció során. Hagyományos megközelítéssel élve, a molekuláris mechanizmus feltárása és evolúciós mozgatórugóinak az elemzése többnyire egymást követő folyamatok. Előbb célszerű például foglalkozni egy adott anyagcsere-útvonal (pl. citromsavciklus) élettani funkciójának a megértésével, majd feltárhatjuk az útvonal fajok közötti változatosságának evolúciós mozgatórugóit. Ennek megfelelően az evolúciós kutatások hozzá-

járulnak a biológiai jelenségek mélyebb megértéséhez, de gyakran feltételezik a (molekuláris vagy élettani) mechanizmus részletes ismeretét. Azaz, ha már értjük, hogyan működik az adott biológiai jelenség, megkérdezhetjük, miért pont úgy alakult ki, és milyen tényezők mellett maradhat fenn.

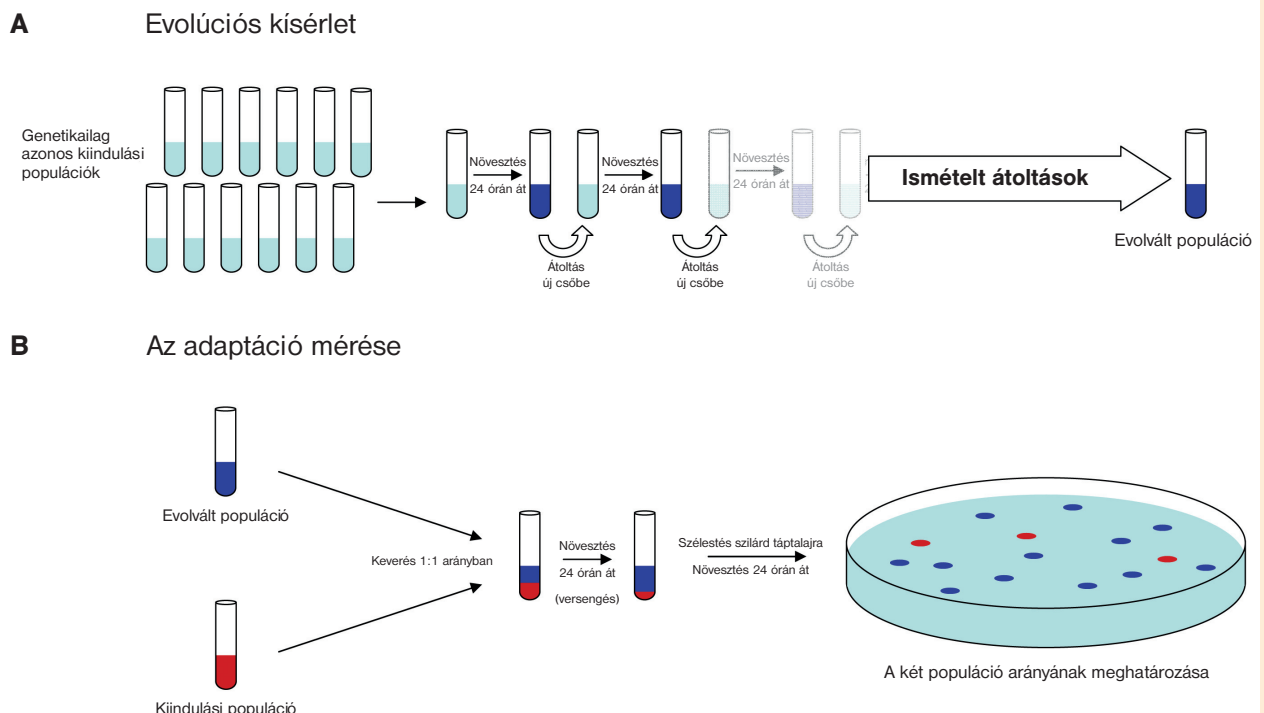
Fontos megjegyezni, hogy a genomika az evolúciós kutatások ezen „másodlagos” szerepét jelentősen átalakította. Az evolúcióból nem csupán passzív befogadója a hirtelen elérhetővé vált molekuláris adatoknak: az evolúciós mintázatok vizsgálata a genetikai elemek szerepéről is felvilágosítást adhat. Jó példa erre az az eljárás, amely közeli fajok genomjának összehasonlításával azonosít konzervált genomi szakaszokat, s így bármilyen más molekuláris információ felhasználása nélkül képes megjósolni gének és genetikai szabályozóelemek jelenlétét.

Gyakori érv az evolúciós vizsgálatokkal szemben, hogy túlságosan elvontak, és így ezeknek a kutatásoknak nincs gyakorlati jelentősége. Ez távolról sincs így, sőt: a darwinizmus hatása messze túlmutat a biológia szakterületein. Példaként említhető az evolúciós biotechnológia, evolúciós számítástechnika vagy evolúciós robotika. Az említett szakterületeknek közös jellegzetessége, hogy olyan iparilag fontos termékek létrehozására szakosodtak (fehérjék, programok, robotok), melyek mind a véletlenszerűen generált variáció és a szelekció darwini mechanizmusán alapulnak. Számtalan olyan nemzetközileg is sikeres cég ismert, mely szinte kizárólag a darwini evolúció mintájára kidolgozott módszereket alkalmaz.

Evolúció a laborban

Ha egy konkrét evolúciós elméletet szeretnénk érdemben vizsgálni, legalább három, egymást kiegészítő eszköztár áll rendelkezésünkre. Gyakran célszerű egy egyszerű számítógépes simulációval vagy matematikai modellel kezdeni a vizsgálatainkat.

Ez lehetőséget ad arra, hogy megértsük a kulcsfontosságú változók közötti logikai összefüggéseket. Második lépésben meglévő adatok alapján különböző, eltérő ökológiai körülmények között élő fajok genetikai és fenotípusos sajátosságait hason-



Fontos hangsúlyoznunk, hogy az evolúció folyamatát gyakran közvetlenül is megfigyelhetjük. A mikrobák – gyors szaporodásuk, magas *mutációs rátájuk* és nagy populációméretük miatt – rendkívül gyorsan, akár hetek alatt alkalmazkodhatnak új környezetekhez. Ezek a folyamatok laboratóriumi körülmények között megismételhető módon vizsgálhatóak, és külön szakterület foglalkozik velük (*1. keretes írás: Evolúció a laborban*).

A meglévő, forgalomba hozott antibiotikumokkal szembeni ellenálló képesség (rezisztencia) gyors kialakulása különösen aggasztó jelenség. Mivel ez az evolúciós folyamat hatalmas egészségügyi és gazdasági károkat okoz, mélyebb megértése rendkívüli jelentőségű (*2. keretes írás: Az antibiotikum-rezisztencia evolúciója*). Jelenleg is zajlanak kutatási programok olyan beavatkozások kidolgozására, amelyek a kórokozó baktériumok gyógyszerrekhez való evolúciós alkalmazkodását gátolják. Mindezek fényében igen különös, hogy az evolúció oktatása szinte semmilyen szerepet sem kap az orvosi egyetemi képzés során (ez az Egyesült Államokra és hazánkra egyaránt igaz).

A rendszerbiológia és az evolúció kapcsolatai

Hogyan hasznosíthatják az evolúciós kutatások a rendszerbiológia és a genomika által kínált tudást és módszereket? Az evolúció

iránya és sebessége egyaránt függ a különböző mutációk egyedi megjelenésétől és azok populációban való elterjedésétől. Ezért alapvetően fontos képet kapnunk a lehetséges mutációknak a hordozó élőlényre gyakorolt előnyös, hátrányos vagy éppen közömbös hatásairól. A probléma attól válik nehezzé, hogy a sejt biológiai hálózatai rendkívül összetettek, és így a legtöbb mutáció hatása függ mind a környezettől, mind más mutációk jelenlététől. A rendszerbiológiai modellek lehetőséget adnak arra, hogy ezt a kérdést a molekuláris mechanizmusok figyelembevételével vizsgáljuk, és akár meg is jósoljuk, milyen genetikai változások előnyösek egy adott új környezetben. A továbbiakban a modern molekuláris genetika egyik legérdekesebb paradoxonján keresztül mutatjuk be a két tudományág kapcsolatát.

A kulcsfontosságú gének paradoxona

A funkcionális genomika egyik gyakran alkalmazott stratégiája a génkiütéses kísérletek végzése a génműködés felderítésére: egy adott gén inaktivációjából eredő fenotípusos változásból következtetni lehet az ép gén szerepére (reverz genetika). Az elmúlt években végrehajtott szisztematikus génkiütéses kísérletek megdöbbentő eredménnyel jártak: a genomban kódolt gének többsége a túlélés szempontjából nem bizonyult kulcsfontosságúnak a

lítjuk össze. Harmadik lehetőség az, hogy az evolúció folyamatát közvetlenül, laboratóriumi körülmények között vizsgáljuk meg. Nézzünk erre egy konkrét példát! Az evolúcióból egyik kulcskérdése az, hogy mi a szexuális szaporodás előnye. A szexualitás jelentős genetikai változatosságot eredményez, és ezáltal megnöveli az evolúciós alkalmazkodást változó körülmények között. Hamilton meghatározó elmélete szerint ez különösen a parazitákkal szembeni védekezés során hasznos. Az elmélet alapfeltevéseit először egy populációs modellen vizsgálták, majd a szexuális szaporodás gyakoriságát hasonlították össze különböző fajokban a paraziták gyakoriságának függvényében. Arra is lehetőség van azonban, hogy paraziták (pl. vírusok) hatását mikrobák evolúciójára kontrollált laboratóriumi körülmények között is megvizsgáljuk [9], és ezáltal közvetlenül is tesztelhesük az elméletet.

Érthető, hogy ezen kísérletek sikerének egyik kulcsa a megfelelő élőlény kiválasztása: rövid generációs idejük, könnyű tenyésztésük és nagy populációméretük miatt a legtöbb kísérlet jól ismert egyséjűekkel (kólibaktériummal vagy élesztőgombával) dolgozik. További előny, hogy a laborban evolválódott populációk fagyaszott körülmények között évekig tárolhatók, így a sajátásaik később részletesen is megvizsgálhatók [10].

A legismertebb példa *Richard Lenski* 1988-ban kezdődött és máig is tartó kísérletsorozata. Az alkalmazott módszer rendkívül egyszerű. 12 azonos *E. coli* baktériumpopulációt speciális tápanyagot tartalmazó üvegcsébe helyeztek el. Mindennap a felnőtt baktériumpopuláció 1%-át új, friss tápanyagot tartalmazó üvegcsébe tették, a maradékot elpusztították. Könnyen belátható, hogy a gyorsabban szaporodó változatok nagyobb eséllyel kerülnek át a másnapi friss tápoldatra (**A. ábra**).

A populáció kezdetben csak lassan tud szaporodni ebben a közegben, ám pár nap leforgása alatt véletlenszerűen megjelennek olyan mutánsok, melyek jobban tudják hasznosítani a tápanya-

got. Ezek elterjednek a régi variánsok rovására, és így a populáció lassú lépések sorozataként alkalmazkodik az új környezethez. Az alkalmazkodás mértékét is könnyű megbecsülni az ősi és evolválódott populációk szaporodási rátájának összehasonlításával (**B. ábra** és *3. keretes írás*). A kísérletsorozatban mára már több mint 30 000 baktériumgeneráció született, és jelentősen növekedett mind a szaporodás sebessége, mind a sejtek mérete.

Fontos eredmény továbbá, hogy az egymástól függetlenül evolválódó populációkban jelentős genetikai különbségek halmozódtak fel. Ez azt mutatja, hogy az esetleges, véletlenszerű változások szerepe az evolúció során jelentős, és számos különböző „megoldás” lehetséges ugyanarra az evolúciós „problémára”.

A kritikus olvasó vélheti úgy, hogy ezek a kísérletek nem sokat mondanak arról, hogyan zajlik az evolúció magasabb rendű élőlényekben. Ez csak részben van így: vannak olyan általános kérdések, amelyek megválaszolására ezek a kísérleti rendszerek tökéletesen alkalmasak. Ilyen kérdések például, hogy milyen sejt-tani folyamatok befolyásolják az evolúció sebességét, hogyan fejlődik ki a kooperáció, mitől függ a biológiai diverzitás mértéke [11]. Fontos szempont, hogy a sejt-tani folyamatok jelentős része nagy hasonlóságot mutat emberben és egyséjűtűkben. Nem meglepő, hogy a genetikai kód feltárása is döntően az *E. coli* baktériumon végzett vizsgálatoknak köszönhető. Továbbá *Richard Lenski* kísérletsorozata magasabb rendű élőlényeken több okból is kivitelezhetetlen: kékbálna vagy ember esetén például a 30 000 generáció közel 600 000 évet ölel fel.

Fontos megemlítenünk végül, hogy a kísérleti evolúció eszköztára – különösen, ha kiegészül rendszerbiológiai és genomikai vizsgálatokkal [12] – kiváló lehetőséget teremt arra, hogy megértsük, milyen fiziológiai tényezők befolyásolják a kórokozók antibiotikumokkal szembeni rezisztenciájának kialakulását.

Faj	Létfontosságú gének aránya
<i>Saccharomyces cerevisiae</i> (élesztőgomba)	19%
<i>Escherichia coli</i> (kólibaktérium)	7%
<i>Salmonella typhimurium</i> (szalmonella)	11%
<i>Bacillus subtilis</i>	6,6%
<i>Staphylococcus aureus</i>	25%
<i>Caenorhabditis elegans</i> (fonálféreg)	7%
<i>Haemophilus influenzae</i>	38–47%

2. táblázat. Esszenciális (létfontosságú) gének becsült aránya különböző fajokban nagyléptékű tanulmányok alapján

laboratóriumi környezetben, akár egysejtű, akár többsejtű fajban vizsgálták (2. táblázat).

E felfedezések számos izgalmas kérdést vetnek fel. Először is, mi a magyarázata a „nélkülözhető” gének jelenlétének? És miért van ilyen sok belőlük? Mivel ezek a gének többnyire régóta jelen vannak a genomban, nehéz elképzelni, hogy csupán funkció nélküli DNS-szakaszok lennének, hiszen akkor könnyedén elveszhettek volna az evolúció során. Másodsor, jelentheti-e a nélkülözhető gének nagy száma azt, hogy az élőlények robusztusak (érzéketlenek/ellenállóak) az őket érő mutációkkal szemben? Ha igen, akkor ez a fajta robusztusság miért és hogyan alakulhatott ki az evolúció során?

A közelmúltban több elképzelés is született a nélkülözhető gének létezésének magyarázatára. Az egyik iskola szerint az élő-

lények különféle mechanizmusok segítségével kompenzálni tudják egy-egy gén elvesztését, például egy anyagcsereútvonal történő mutációt egy kerülőútvonal kompenzálhat [1]. Mások azt hangsúlyozták, hogy a nélkülözhetőnek tűnő gének is hozzájárulnak az élőlény túléléséhez, de hatásuk igen csekély, nehezen mérhető. A harmadik elképzelés már-már triviálisnak tűnik, de ennek ellenére sokáig figyelmen kívül hagyták: eszerint az ilyen gének ugyan nem szükségesek laboratóriumi körülmények között, de más környezetben már nélkülözhetetlenné válnak (pl. hőstressz vagy eltérő tápanyagtípus megjelenésekor) [2].

Fontos hangsúlyozni, hogy ezek az elméletek gyökeresen más evolúciós világképet sugallnak. Ha a sejtekben számos „tartalék elem” vagy „biztonsági útvonal” van, az azt jelenti, hogy az élőlények evolúciójuk során egy stabil környezethez alkalmazkodnak úgy, hogy csökkentik a megjelenő káros mutációk hatásait. Ellenben, ha a látszólag nélkülözhető gének speciális környezetben fontosak, akkor a szélsőséges, változó környezetekhez való alkalmazkodás a legfontosabb evolúciós hajtóerő.

Habár a kiragadott esettanulmányok mindegyik elképzelést alátámasztják bizonyos mértékig, a különböző magyarázatok fontosságát sokáig nem sikerült megbecsülni. A nélkülözhető gének problémájának megértéséhez ugyanis elengedhetetlen, hogy jobban ismerjük a genotípus–fenotípus kapcsolatát, vagyis azokat a molekuláris folyamatokat, amelyek eredményeként egy mutáció megmutatkozik, vagy éppen észrevétlen marad a fenotípus szintjén. A rendszerbiológiai megközelítések fő erénye viszont éppen az, hogy a rendszer molekuláris összetevőinek kölcsönhatásaiból próbálja levezetni a teljes rendszer viselkedését, azaz a fenotípusát. Emiatt a rendszerbiológiában használt matematikai modellek különösen alkalmasnak ígérkeznek a mutációk hatásmechanizmusának vizsgálatára.

Az alábbiakban a gének nélkülözhetőségének problémáján keresztül mutatunk be egy rendszerbiológiai megközelítést, amely integrálja a számítógépes modellezést a laboratóriumi kísérletekkel.

Az antibiotikum-rezisztencia evolúciója

Az első azonosított antibiotikum felfedezése *Alexander Fleming* nevéhez kötődik, aki 1928-ban, nyári vakációjából visszatérve, laborjába szembesült a *Staphylococcus* mintáit elpusztító *Penicillium* penészgombák „áldásos” tevékenységével. A termelője után penicillinnek elnevezett, később magas tisztaságban izolált szer forradalmasította a későbbi orvosi mikrobiológiát és a fertőzések megbetegedések kezelését [13]. A penicillin és a későbbi antibiotikumok rutinszerű alkalmazása az orvosi gyakorlatban sokak életét mentette meg, különösen a második világháborúban. Az antibiotikumok olyan vegyületek, melyek nagyon specifikus térszerkezeti kapcsolatban állnak célpontjaikkal. Ezek a célpontok általában más mikrobákban (baktériumokban, gombákban, egysejtűekben) található, alapvető sejt funkciókban (DNS-anyagcserében, fehérjeszintézisben, sejtfa-, sejtmembrán szintézisében) szerepet játszó enzimek, fehérjék. Hozzákötődve célpontjaikhoz lehetetlenné teszik azok normális működését, ezáltal súlyos károkat okoznak anyagcseréjükben.

Az antibiotikumok segítségével vívott evolúciós küzdelem azonban egyáltalán nem ismeretlen a bioszféra mikroorganizmusai számára. Az antibiotikumok nyaklól nélküli emberi alkalmazása – előbb az orvosi gyakorlatban, később a mezőgazdaságban, állattenyésztésben – olyan szelekciós környezethez vezetett, ahová lassan az antibiotikumokkal szemben védekezést nyújtó védekező mechanizmusok (rezisztencia) is kezdtek beszivárogni. Ezek

a rezisztenciafaktorok rendkívül elterjedtek olyan talajbaktériumokban, melyek évmilliók óta küzdenek egymással kiválasztott antibiotikumok révén. Erre remek példa *D’Costa* és munkatársai 2006-ban végzett munkája [14]. 480 talajbaktérium-minta antibiotikumokkal szembeni ellenálló képességét vizsgálták és arra a meglepő következtetésre jutottak, hogy a talajból kinyert baktériumok többsége rezisztens volt a klinikumban alkalmazott antibiotikumok többségére és nem volt olyan univerzális szer, mely mindegyikükkel szemben eredményes lett volna. Ez a felfedezés valójában nem meglepő, hiszen az említett baktériumok olyan ökológiai környezethez alkalmazkodtak, ahol ádáz küzdelem folyik a hozzáférhető tápanyagokért, és ahol az idők során rendkívül változatos antibiotikumokkal támadó és rezisztenciával védekező szelekciós küzdelem bontakozott ki.

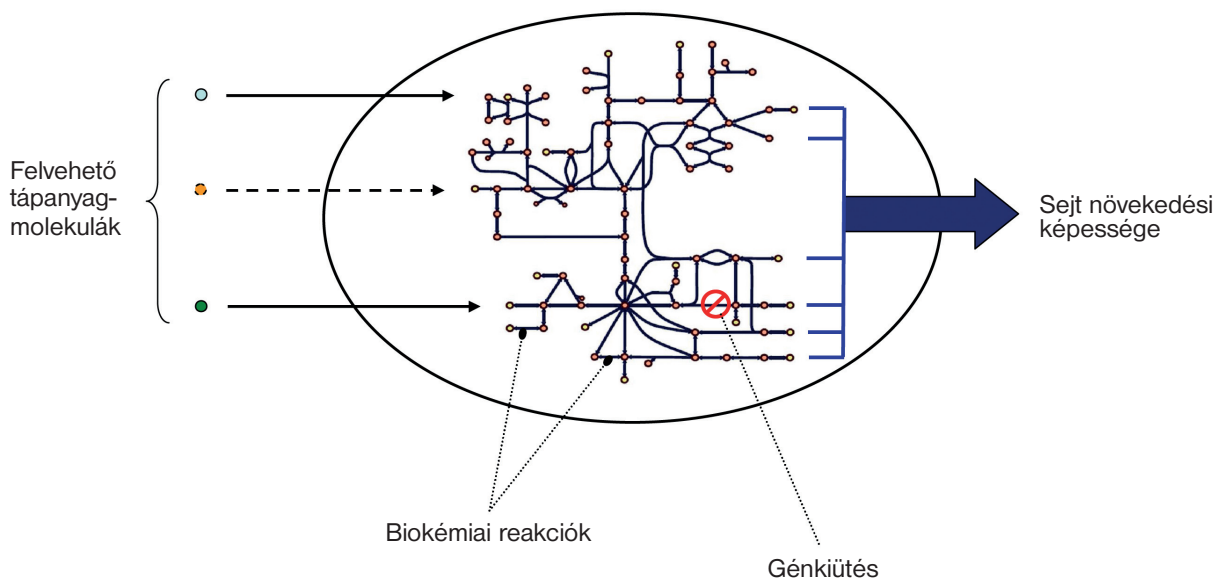
A talajbaktériumok többsége nem kórokozó baktérium, mégis rendkívül fontos forrásai a rezisztenciafaktoroknak. Általában az adott antibiotikumot termelő mikroba rezisztens is saját gátlószereivel szemben, azaz remek forrása az ellenálló képességnek. Mivel az antibiotikumok és célpontjaik rendkívül specifikus kapcsolatban állnak egymással, egy kis módosulás a célpont fehérjeszerkezetében is elég a kötődés gátlásához. Ha ez bekövetkezik, gyengül a célpont és a hatóanyag kémiai kapcsolata, azaz ugyanazon gátlás eléréséhez nagyobb koncentrációjú antibiotikumra van szükség. A többi rezisztenciamechanizmus alapvető

Anyagcsere-hálózat: modellezés és tesztelés

A sejtek anyagcsereje – azaz a felvett tápanyagok átalakítása a sejt saját építőköveivé – az egyik legjobban tanulmányozott biológiai rendszer. Nem meglepő tehát, hogy jelenleg a legátfogóbb számítógépes rendszerbiológiai modellek is az anyagcsere-folyamatok leírására állnak rendelkezésre. Egy-egy ilyen anyagcsere-

modell több száz, vagy akár ezer kémiai reakciót és a hozzájuk tartozó enzimmódozó gént tartalmaz és képes megjósolni, hogy a bemenő tápanyagból a sejt milyen hatékonysággal tudja előállítani a növekedéshez szükséges építőköveket [3]. Egysejtű élőlények esetében egy ilyen modell tulajdonképpen a sejt növekedési sebességét, vagyis némi leegyszerűsítéssel, az élőlény szaporodási képességét (fitneszt) adja meg. A modell segítségével kiszámítható, hogy

1. ábra. Anyagcsere-hálózati modell sematikus vázlata. Egy tipikus anyagcsere-hálózati modell több száz, vagy akár ezer kémiai reakciót és hozzájuk tartozó enzimmódozó gént tartalmaz, és segítségével kiszámítható, hogy a felvehető tápanyag-molekulákból a sejt milyen hatékonysággal tudja előállítani a növekedéshez szükséges építőköveket, azaz milyen gyorsan nő a sejt. A modellel különböző tápanyagok (környezetek) és géntípusok (genotípusok) is szimulálhatók



célja éppen ez, azaz a támadó antibiotikum tényleges koncentrációját csökkenteni. Ez történhet az antibiotikumok enzimatisz lebontásával (pl. β -laktamázok segítségével), sejtbe történő bejutásának megakadályozásával (sejtfalmodosulások), sejtől történő aktív kijuttatásukkal (efflux pumpák). Ezek a rezisztenciamechanizmusok általában az evolúció alapvető folyamatainak, vagyis a mutációknak és ezek szelekciójának révén terjedhetnek el egy szelekciós nyomás alatt álló populáció esetében (pl. kórházi intenzív osztály, ahol mindennapos az antibiotikumok alkalmazása). A mikroorganizmusok elképesztő létszámuk (1g bél-sár akár 10^{11} számú egyed is tartalmazhat) és magas mutációs rátájuk révén hihetetlen sebességgel képesek alkalmazkodni a legkülönbözőbb, számukra hátrányos környezethez. Ami igazán megdöbbentővé teszi az antibiotikumokkal szembeni ellenálló képességet, az a rendkívül gyors és hatékony terjedésük. A rezisztenciamechanizmusok többségéért ugyanis olyan gének, géncsoportok felelősek, melyek általában mobil genetikai elemeken (plazmidokon), vagy akár a rezisztens baktérium pusztulása után annak kromoszómáján találhatók. A fajok közötti genetikai információ áramlása egyáltalán nem ritka jelenség a baktériumok között. Fennáll tehát a lehetősége annak, hogy akár egy ártalmatlan talajbaktériumból egy kórokozó baktériumba jusson az a genetikai információ, amely a rezisztenciáért felelős. Ennek többször volt tanúja az orvoslás például a Meticillin-rezisztens *Staphy-*

lococcus aureus (MRSA), vagy a Vancomycin-rezisztens *Enterococcus*-ok (VRE) esetében. Ezek a gének fajról fajra terjedve, akár nem kórokozó (kórokozó) bakteriális populációkban jelenhetnek meg és okozhatnak végzetes problémákat (pl. immunszuppresszív állapotban levő, AIDS-es páciensekben [15]).

Az antibiotikumokkal szembeni rezisztencia kialakulásának és terjedésének pontosabb megértéséhez elengedhetetlen az ezeket szabályozó genetikai faktorok feltérképezése.

A teljes genomsekvenciák ismeretében (és az újraszekvenálás alkalmazásával) olyan változások azonosíthatók rezisztens populációkban, melyek nem közvetlenül okozzák az ellenálló képesség kialakulását, hanem annak evolúcióját befolyásolják. Fontos az olyan folyamatok pontosabb megértése például, amelyek rávilágíthatnak a bakteriális populációkban kis mennyiségben (1%) jelen levő ún. mutátor szubpopuláció szerepére. Ezekben az egyedekben a fajra jellemző mutációs ráta akár 2–3 nagyságrenddel magasabb lehet a speciális, DNS-javító mechanizmusok elégtelen működése révén. A mobil genetikai elemek egymástól – evolúciós szempontból – távoli fajokon keresztüli terjedése alapvető szerepet játszik a rezisztencia terjedésében.

Mindezek a genetikai változások egy baktériumtörzs esetében részletesen nyomon követhetők a funkcionális-genomikai módszerek, valamint a kísérletes evolúció eszközeit alkalmazva.

különböző tápanyagokat milyen hatékonysággal képes felhasználni a sejt, továbbá, hogy különböző génkiütéseknek mi lesz a növekedésre gyakorolt hatása (**1. ábra**). Egy ilyen rendszerbiológiai modell tehát képes a genotípus + környezet $\rightarrow$ fenotípus egyszerűsített leképezésre, s így különösen hasznosnak ígérkezik evolúciós problémák vizsgálatára. Természetesen, mint minden modell, ez is csak a valóság egyik közelítése és számtalan részletet nélkülöz, például nem foglalja magában a génszabályozás működésének részleteit. A kérdés nem is az, hogy tökéletes-e a modell – nyilván nem az –, hanem hogy az anyagcserének a minket érdeklő jellemzőit képes-e kielégítő pontossággal és ellenőrizhető módon megjósolni.

Ahogy a puding próbája az evés, úgy a modell próbája is a jóslatok kísérletes ellenőrzése. Jól ismert élőlények esetében abban a szerencsés helyzetben vagyunk, hogy nemcsak részletes modell áll rendelkezésünkre a sejt anyagcseréjéről, hanem nagyszámú független kísérletes adat is, amelyen a modell jóslatai tesztelhetők. Az egyik legkézenfekvőbb ilyen adatsor a génkiütések fenotípusára vonatkozik, és ma már több faj esetében is a genom minden génjére rendelkezésre áll (**2. táblázat**). Ahogy fentebb említettük, a legtöbb gén kiütése ugyan nem befolyásolja a sejt életképességet, ám a kisszámú létfontosságú gén azonosítása

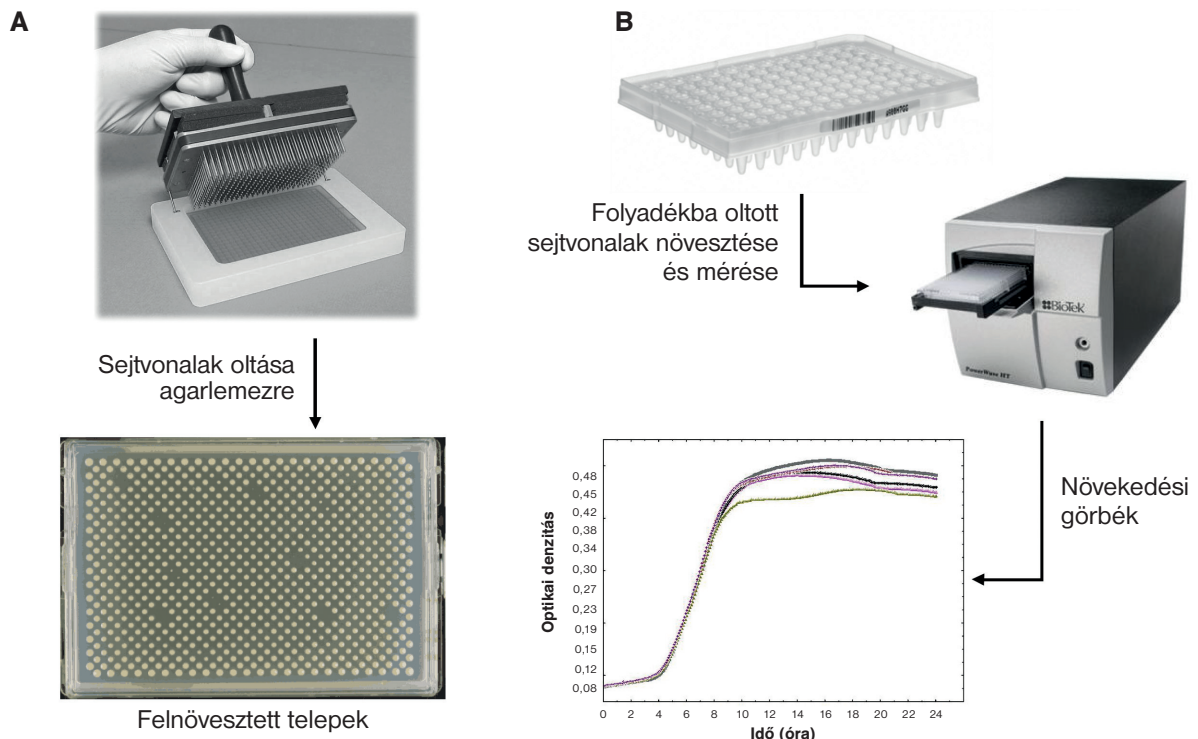
korántsem egyszerű feladat. Hogyan birkózik meg ezzel a feladattal egy rendszerbiológiai modell? Az élesztőgomba és a kólibaktérium anyagcseremodelljei a kísérletek tanulsága szerint igen jól: a létfontosságú és nélkülözhető géneket 80–90% pontossággal képesek elkülöníteni.

Ha ennyire pontosan megjósolja az anyagcseremodell, hogy mely gének létfontosságúak és melyek nélkülözhetőek, akkor jogosnak tűnik a feltételezés, hogy a nélkülözhetőség mechanizmusait is jól írja le. Mit mond tehát a modell a nem létfontosságú génekről [2]? Meglepő módon, egy adott tápanyagkörnyezetben az enzimgének jelentős hányada egyszerűen inaktív, nem végez biokémiai katalízist. A gének másik része ugyan fontos feladatot lát el, de egynél több példányszámban szerepel a genomban, így ha az egyik gént eltávolítjuk, a másik átveszi szerepét. A géneknek csak kis része az, amely ugyan aktív, de mégsem kulcsfontosságú, mert elkerülő biokémiai útvonalak pótolhatják hiányát. Vajon mi a feladatuk az inaktív géneknek? Az anyagcseremodell nagy előnye, hogy többféle környezeti körülmény között is könnyedén kiszámítható a génkiütések hatása, például különböző szénforrások jelenléte mellett, így ellenőrizhető, hogy az inaktív gének ilyenkor fontos szerepet kapnak-e. Számítógépes szimulációk kimutatták, majd a későbbi kísérletes vizsgálatok megerősítették, hogy a

Fitness mérése laborban

A rendszerbiológiai és evolúciós kutatásokban fontos szerepet játszik a sejtek növekedési, szaporodási képességének (leegyszerűsítve: fitnessének) meghatározása, mérése. Ezeknél a méréseknél fő követelmény a pontosság, megbízhatóság. Tekintve, hogy egyes kísérletekben több száz vagy akár több ezer vonal (mutáns törzs) fitnessét is meg kell határozni, nem elhanyagolható szempont a gyorsaság és a gazdaságosság sem.

Az egyik lehetséges megközelítés a kiválasztott vonalak fitnessének egyenkénti lemérése. Ez egyaránt történhet szilárd tápanyag felszínén vagy éppen folyadékközegben. Az előbbi esetén a sejtek kis mennyiségét egy agarfelszínre juttatjuk (**A. ábra**). Az ott osztódni kezdő sejtek egy egyre növekvő átmérőjű, jellegzetesen kerekded alakú csoportot, telepet képeznek. A telep átmérője jól jellemzi a benne található sejtek számát, vagyis



nélkülözhető gének nagy része környezetfüggő módon befolyásolja az élőlény rátermettségét (3. keretes írás: *A fitness mérése laborban*) [4]. Azaz, amíg a szokványos laboratóriumi körülmények között nincs fontos szerepe, addig egy eltérő környezetben akár létfontosságúnak is bizonyulhat.

Melyek a továbbélési lehetőségek? A következő részben azt vizsgáljuk meg, hogy a hasonló modellek képesek-e az evolúciós változások genetikai hátterét is új kontextusban értelmezni.

Előre jelezhetők-e az evolúciós változások?

Ha összehasonlítjuk olyan „történeti” tudományágak célkitűzéseit, szerkezetét és módszertanát, mint a kozmológia, az evolúcióbiológia és az emberi történettudomány, jelentős különbségeket figyelhetünk meg. A kozmológia szerint az univerzum múltja és jövője megérthető és előre jelezhető a fizikai törvényszerűségek ismeretében. Ezzel szöges ellentétben áll a humán történettudomány, mely egyedi események leírására és értelmezésére korlátozódik. A mai történettudomány a legritkább esetben vállalkozik a kozmológiához hasonlóan általános törvényszerűségek megfogalmazására vagy a jövőbeni változások előrejelzésére. *Karl*

tulajdonképpen a vizsgált vonal osztódási képességét. Egy tenyérnyi agarlemezén akár több száz különböző törzs telepeit is elhelyezhetjük, fitnessüket egy-két nap elteltével meghatározhatjuk. Ez a művelet sor nagymértékben gépesíthető, hiszen a lemezeket lefényképezve, képfeldolgozó és adatkezelő programok segítségével könnyedén kinyerhetők a fitness meghatározásához szükséges adatok. A módszer nagyszámú mutáns vizsgálatát teszi lehetővé viszonylag rövid idő alatt, alacsony költségárfordítás mellett. Gyengéje viszont az, hogy a sejtek osztódásának dinamikájáról (a telep méretének növekedéséről) kevés információt szolgáltat, emellett a telepek átmérője nem teljesen pontos mutatója a sejtszámnak.

Sokkal informatívabb adatokat szolgáltathat a folyadékközegben történő folyamatos mérés (**B. ábra**). Az erre a célra (is) szolgáló műszerekbe olyan lemezek helyezhetők, melyek kis üvegcséibe folyékony táptalaj tölthető. A lemezenként felhasználható több száz üvegcsébe más-más vonal (mutáns törzs) sejtei juttathatók be egy egyszerű áttöltési művelettel, majd a műszer néhány percenként automatikusan végrehajtott méréseivel követhetjük a sejtek számának változását (vagyis a sejtek osztódó képességét, fitnessét). A mérés alapja, hogy a folyadékban jelen lévő sejtek megnövelik annak fényelnyelő képességét (optikai denzitását), mégpedig arányban azzal, hogy mennyi sejt van jelen a közegben. A módszer rendkívül pontos adatokat szolgáltat a sejtek szaporodásának dinamikájáról. Ez az eljárás elsősorban a mérőműszer magas ára miatt költségesebb a telepátmérők meghatározásánál, és egyszerre kevesebb a kivitelezhető mérések száma is.

Az előzőektől lényegesen különböző megközelítést jelent, ha a vonalak fitnessét nem egyenként határozzuk meg, hanem különböző sejteket egyazon közegben növesztünk, és arányuk megváltozását követjük. Ilyen helyzetekben arra számítunk, hogy a rosszabb növekedési képességű (vagyis alacsonyabb fitnessű) sejtek aránya idővel csökken a magasabb fitnessű versengő partner javára. Ezeknek a kísérleteknek fontos feltétele (egyben hátránya), hogy a vizsgálandó vonalaknak hordozniuk kell valamilyen genetikai jelölést (markert), amely alapján bármikor meghatározhatjuk az összekevert sejtpopulációban az egyes típusok arányát. A kísérletekben ismert arányban (pl. 50–50%) párosával összevegyített vonalakat folyadékközegben növesztethetjük, majd időnként mintát vehetünk. Ilyenkor a kivett sejteket olyan – úgynevezett szelektív – táptalajra helyezzük,

Popper, a híres tudományfilozófus szerint egy ilyen vállalkozás szükségszerűen kudarcra van ítélve, hiszen az emberi történelem egyszeri esemény, az emberi cselekedetek megjósolhatatlanok és a kiindulási állapotok tökéletes ismerete nélkül a jövőt megjósolni lehetetlen [5].

Sok szempontból az evolúcióbiológia a két tudományág között áll. Habár *Darwin* világos és rendkívül jól tesztelhető mechanizmust vázolt fel, a jelenlegi kutatások döntő többsége továbbra is azt firtatja, hogyan tudjuk értelmezni a fajok evolúciós múltja során lezajlott genetikai és fenotípusos változásokat. Nagyon kevés olyan elméleti modell áll rendelkezésre, amely egy adott faj részletes ismerete révén képes lenne megjósolni, hogy az adott környezethez való alkalmazkodás során milyen genetikai változások következhetnek be. Ez a probléma nem csak az elméleti biológusok belügye. Hiányzik például az az elméleti eszköztár, amely előre jelezne egy adott új antibiotikum vagy gyógyszer-kombináció hosszú távú eredményességét, vagyis a kórokozó rezisztenciájának kialakulási esélyét. Ez nagyon komoly hiányosság, és részben ez az oka annak, hogy az orvostudomány és az evolúcióbiológia művelői között nagyon kevés szakmai kapcsolat van.

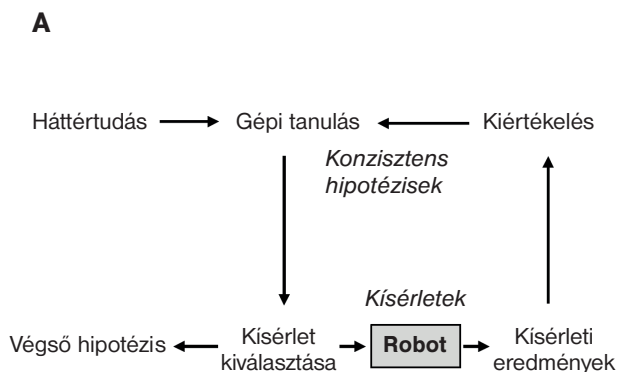
A rendszerbiológia ezt a problémát is új megvilágításba helyezi. Már vannak olyan egyszerű modellek, amelyek lehetőséget ad-

ahol a lemezen növekedő, telepeket létrehozó sejtek valamilyen jellegzetes tulajdonsága megnyilvánulhat. Például az egyik fajta sejt egy adott táptalajon piros, míg a másik fehér telepeket képez. A telepek számának arányából következtethetünk az eredeti sejtarányokra.

Egy másik mérési eljárás módot ad a kétféle sejt típus arányának folyamatos követésére: ehhez az szükséges, hogy egyikük egy fluoreszkáló fehérjét termeljen. A korábban ismertetett mérőműszer a sejteket tartalmazó táptalaj fényáteresztő képessége mellett képes a sejtek által kibocsátott fluoreszcens fényt is mérni, e két adatból pedig jól meghatározható egyrészt a teljes sejtszám, másrészt a fénykibocsátó sejtek mennyisége is.

További módszerek lehetőséget adnak arra is, hogy ne csak páronként, hanem egyetlen kísérletben akár egyszerre százával, ezrével határozzuk meg a kiválasztott vonalak fitnessét. Ilyen kísérletekben a vizsgált vonalak mindegyike egy-egy egyedi jelzést hordoz a kromoszómájába beépített rövid DNS-szakasz formájában. Ez a jelzés, hasonlóan az üzletekben használt vonalkódokhoz, egyértelműen azonosítja a hordozó sejtet. A kísérletben a jelölt sejteket azonos arányban elegyíthetjük, tetszőleges ideig együtt növesztethetjük. Az elegyből vett mintát azután megfelelően kezelve egy DNS-mikroszip alapú technika segítségével, „leolvashatjuk” a vonalkódokat, meghatározva, hogy egy adott jelű sejtből mennyi volt a kísérleti populációban. Ez az adat megmutatja, hogy az egyes vonalak a többiekhez képest mennyire voltak képesek szaporodni, megadva egy viszonylagos fitnessértéket. Ez az eljárás nagy léptékű és pontos méréseket tesz lehetővé magas költségárfordítás mellett [4].

Eszköztárunkat tovább szélesíti az a lehetőség, hogy az egyes vonalak fitnessét nemcsak a normál laboratóriumi viszonyok között végezhetjük el, hanem lehetőségünk van az egyes mutánsok fitnessét tetszőlegesen választott körülmények között is megfigyelni. Például a táptalajba mérgező hatóanyagokat keverve, megvizsgálhatjuk a különböző sejtek ellenálló képességét egyes gyógyszerekre rezisztens mutánsokat keresve. A nagy léptékben elvégezhető kísérleteknek köszönhetően nemcsak egy-egy kiválasztott gént vehetünk górcső alá, hanem akár a teljes genomra nézve általános megfigyeléseket tehetünk arról, hogy egyes környezeti tényezők (pl. tápanyagok, stresszhatások, mérgek stb.) történő élettani alkalmazkodás milyen genetikai tulajdonságok meglétét igényli a vizsgált sejtben.



2. ábra. A) A robotkutató hipotézisgenerálási és kísérletezési ciklusa. A robotkutató ötlete egy laboratóriumi roboton és a robot intelligens algoritmusokkal történő vezérlésén alapszik. A robot képes arra, hogy ismétlődő módon hipotéziseket állítson fel a modell működése alapján, ezek tesztelésére kiválassza és megtervezzék a legmegfelelőbb kísérleteket, a kísérleteket fizikailag végrehajtsa, kiértékelje, majd az eredmények függvényében az éppen vizsgált hipotézist elvesse vagy elfogadja, és ennek megfelelően új ismeretekre tegyen szert, illetve frissítse a modellt. B) „Adam”, az Aberystwythi Egyetemen (Wales, Egyesült Királyság) működő robotkutató készülék



nak arra is, hogy az evolúciós alkalmazkodás lehetséges genetikai hátterét mélyebben megértsük. Ezek közül két munkát említünk meg röviden.

Nemrégiben az *Escherichia coli* baktérium anyagcseréjét vizsgálták egy olyan tápanyag mellett (glicerin), amelyhez az élőlény evolúciós múltja során kevésbé alkalmazkodott. A modell előrejelzést tett arra vonatkozóan, hogy a hálózat működésében milyen evolúciós változásoknak kell bekövetkezniük az új környezethez történő alkalmazkodás során, azaz, hogy mely enzimatikus reakcióknak kell megváltozniuk. Az elmélet előrejelzéseit laborban végzett evolúciós és molekuláris biológiai kísérletekkel *in vivo* is alátámasztották [6].

Másik példánk a levéltetűvel szimbiotikus kapcsolatban álló baktérium (*Buchnera sp.*) esete. A levéltetvek tápláléka gyakran nem tartalmazza azokat az aminosavakat és vitaminokat, melyek bár elengedhetetlenül fontosak a rovar számára, önmaga képtelen azokat megtermelni. Ezeket a levéltetű azoknak a baktériumoknak a révén szerzi meg, melyek védett és stabil környezetben, a levéltetű speciális sejtjeiben élnek. Cserébe a levéltetű biztosítja a szükséges cukrokat és ásványi anyagokat a baktérium számára. A két faj közötti kölcsönösen előnyös kapcsolat több mint 200 millió évvel ezelőtt kezdődött. Ezen időszak alatt a baktérium elvesztette a genetikai állományának közel 75%-át: mindazokat a géneket, amelyek ettől eltérő körülmények között lennének szükségesek.

Vajon megmondható-e – a baktérium életmódjának és az őse genomjának ismeretében –, hogyan és miért pont úgy csökkent a baktérium genetikai állománya? A válasz, úgy tűnik, igen. Szerecsés helyzet, hogy *E. coli* anyagcseréjéről részletes rendszerbiológiai modellek állnak rendelkezésre, és a baktérium egyben rokona is a *Buchnerának*. Ezáltal lehetővé vált, hogy számítógépes szimulációk révén megvizsgáljuk, hogyan csökkent az ősi baktérium genetikai állománya. Ehhez figyelembe vettük a baktérium és a levéltetű közötti szimbiotikus kapcsolat (azaz a tápanyag-áramlás) részleteit. A számítógépes modell eredményeit (vagyis a szimuláció során kapott, csökkent méretű genomot) összehasonlítva a valódi *Buchnera* génkészletével, közel 80%-os egyezést kapunk [7]. Ez azt mutatja, hogy a 200 millió év során bekövetkezett genetikai változások egy részét egy egyszerű rendszerbiológiai modell képes előre jelezni. Külön érdekesség, hogy az evo-

lúciós szimulációkat megismételve, a kapott genetikai állomány rendre egy kicsit más és más. Ez nagyon fontos eredmény, hiszen azt mutatja, hogy a genetikai rendszerek evolúciója mind szükségsszerű, mind esetleges elemeket is tartalmaz: tökéletesen egyező kezdeti körülmények és szelekciós hatások mellett is jelentős genetikai különbségek halmozódhatnak fel.

Mit hoz a jövő?

A rendszerbiológiai kutatások egyik elengedhetetlen sajátossága, hogy a kísérletezés és a modellezés ciklikus folyamatban ismétlődik és egymást segítik. A modell- és a kísérleti adatok közötti eltérések gyakran fontos információt rejtnek, melyek lehetővé teszik, hogy a modellt tovább finomítsuk. A javított modell újabb előrejelzéseket ad, lehetővé téve azok további tesztelését (2/A. ábra). Habár ez a sajátosság elvileg számos más biológiai tudományterületen is érvényesül, a kutatás lezáratlan sajátossága kiemelten fontos a rendszerbiológiában. Az egyik legérdekesebb új irány az úgynevezett robotkutató koncepció mentén körvonalazódik [8]. Az idetartozó kutatások olyan eljárások kidolgozását tűzték ki célul, melyek lehetővé teszik, hogy a teljes kutatási ciklust (2/A. ábra) automatizálják, és minimálisra csökkentsék az emberi beavatkozást. Ez nem egyszerűen a molekuláris biológiai rutinmunkák gépiesítését jelenti, hiszen erre ma is számos, kereskedelmi forgalomban lévő laboratóriumi folyadékkezelő robot képes. A robotkutató olyan integrált munkaállomás (2/B. ábra), ami nemcsak emberi beavatkozás nélkül végez el nagyszámú, elemi molekuláris és mikrobiológiai feladatot, hanem a csatlakoztatott számítógép a megfelelő, beépített mesterséges intelligencia algoritmusok révén kiértékeli az eredményeket, újabb kísérleteket javasol és hajt végre a különböző hipotézisek tesztelésére. Másképpen fogalmazva: a robot a kezdeti beépített biológiai háttértudás alapján tovább finomítja a meglévő modellt, vagyis az *aktív gépi tanulás* egy válfaját valósítja meg. A robotkutató kiváló eszköz lehet olyan bonyolult problémák vizsgálatára, mint a gének funkciójának és kapcsolatrendszerének a feltárása, vagy újabb kémiai hatóanyagok automatizált feltérképezése. Ezekre a problémákra igaz, hogy a lehetséges elméletek száma nagyon nagy, és azok egyedi tesztelése meghaladja az emberi kapacitást.

Kislexikon

Anyagcsere-hálózat: a sejt anyagcsere-folyamatainak összessége, amely a sejt vegyületei között lejátszódó biokémiai reakciókból áll.

Genomika: az élőlények teljes genetikai állományával (genomjával) foglalkozó tudományág. Tágabb értelemben nemcsak a DNS-szekvencia meghatározását, hanem a genom működésének, evolúciójának és a gének kifejeződésének megismerését is magában foglalja.

Génkölsönhatás (genetikai interakció): két gén mutációja között akkor van génkölsönhatás, ha a mutációk együttes hatása nem vezethető le a mutációk egyedi hatásának összegéből.

Gépi tanulás: olyan algoritmusok, amelyek segítségével a számítógép adatok alapján tanul, azaz példákban szabályszerűségeket von le. Aktív tanulás esetén az algoritmus maga választja ki a tanuláshoz felhasználandó példákat.

Mesterséges intelligencia: a számítástudomány egyik ága, amelynek célja intelligens gépek létrehozása, vagyis az intelligens

viselkedés automatizálása. Eredetileg a tudományos-fantasztikus irodalom terméke, de manapság valós életbeli problémákra kínál megoldást, pl. az orvostudományban, a mérnöki tervezésben vagy a közgazdaságban.

Mutációs ráta: az örökítő anyag (DNS) spontán megváltozásának gyakorisága. Befolyásolja a populáció genetikai változatosságát.

Occam borotvája: a takarékoság elvének alkalmazása a tudományos elméletekre. Ha van két elmélet, amely ugyanazt a megfigyelést egyformán magyarázza, akkor a kevesebb előfeltevést tartalmazó, egyszerűbb elmélet részesül előnyben. Fontos megjegyezni, hogy ez nem örökvényű szabály, csak heurisztikus elv.

Rátermettség (fitness): az evolúciobiológiában egy adott genotípusú egyed szelekciós sikerét jelenti, vagyis a genotípus által létrehozott átlagos utódszámot a versengő genotípus utód-számához viszonyítva (szaporodási siker).

Nem tartunk attól, hogy a robotkutató feleslegessé tenné az emberi gondolkodást. Ellenkezőleg: lehetővé teszi, hogy a kutatások új szintre emelkedjenek. Könnyen elképzelhető, hogy a mesterséges intelligencia és a biológiai kutatások teljesen összefolyanak majd a jövőben. A kutatók nem annyira egyedi kísérletek megvalósításával bajlódnak majd, hanem az adott problémát jellemző biológiai háttértudást igyekeznek formalizálni és a lehetséges hipotézisek kapcsolatrendszerét térképezik fel. Minden másra ott lesz a robot...



A bemutatott kutatást az OTKA A74233 számú pályázata támogatta.

Irodalom

- [1] A. Wagner: *Robustness against mutations in genetic networks of yeast*. Nat. Genet. **24**, 355–361. 2000.
- [2] B. Papp és mtsai: *Metabolic network analysis of the causes and evolution of enzyme dispensability in yeast*. Nature **429**, 661–4. 2004.
- [3] N. D. Price és mtsai: *Genome-scale models of microbial cells: evaluating the consequences of constraints*. Nat Rev Microbiol **2**, 886–97. 2004.
- [4] M. E. Hillenmeyer és mtsai: *The chemical genomic portrait of yeast: uncovering a phenotype for all genes*. Science **320**, 362–5. 2008.
- [5] K. Popper: *A historizmus nyomorúsága*. Akadémiai Kiadó, Budapest, 1989.
- [6] R. U. Ibarra és mtsai: *Escherichia coli K-12 undergoes adaptive evolution to achieve in silico predicted optimal growth*. Nature **420**, 186–9. 2002.

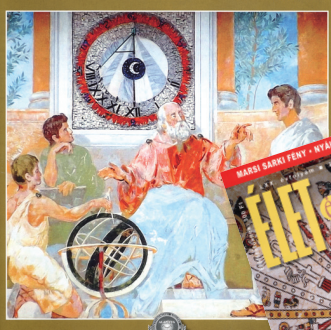
- [7] C. Pál és mtsai: *Chance and necessity in the evolution of minimal metabolic networks*. Nature **440**, 667–70. 2006.
- [8] R. D. King és mtsai: *Functional genomic hypothesis generation and experimentation by a robot scientist*. Nature **427**, 247–52. 2004.
- [9] C. Pál és mtsai: *Coevolution with viruses drives the evolution of bacterial mutation rates*. Nature **450**, 1079–81. 2007.
- [10] S. F. Elena, R. E. Lenski: *Evolution experiments with microorganisms: the dynamics and genetic bases of adaptation*. Nat Rev Genet **4**, 457–69. 2003.
- [11] A. Buckling és mtsai: *The Beagle in a bottle*. Nature **457**, 824–9. 2009.
- [12] S. S. Fong, B. O. Palsson: *Metabolic gene-deletion strains of Escherichia coli evolve to computationally predicted growth phenotypes*. Nat Genet **36**, 1056–8. 2004.
- [13] A. Fleming: *The discovery of penicillin*. Br Med Bull **2**, 4–5. 1944.
- [14] V. M. D'Costa és mtsai: *Sampling the antibiotic resistome*. Science **311**, 374–7. 2006.
- [15] C. S. Stearns, J. C. Koella: *Evolution in health and disease*. Oxford University Press, New York, 2008.
- [16] Y. Ruan és mtsai: *Interrogating the transcriptome*. Trends Biotechnol **22**, 23–30. 2004.
- [17] S. Ghaemmaghami és mtsai: *Global analysis of protein expression in yeast*. Nature **425**, 737–41. 2003.
- [18] W. K. Huh és mtsai: *Global analysis of protein localization in budding yeast*. Nature **425**, 686–91. 2003.
- [19] A. C. Gavin és mtsai: *Functional organization of the yeast proteome by systematic analysis of protein complexes*. Nature **415**, 141–7. 2002.
- [20] A. H. Tong és mtsai: *Global mapping of the yeast genetic interaction network*. Science **303**, 808–13. 2004.

További részletek: <http://www.brc.hu/sysbiol/>

Magyar nyelvű irodalom: <http://www.brc.hu/sysbiol/press.html>

Természet Világa

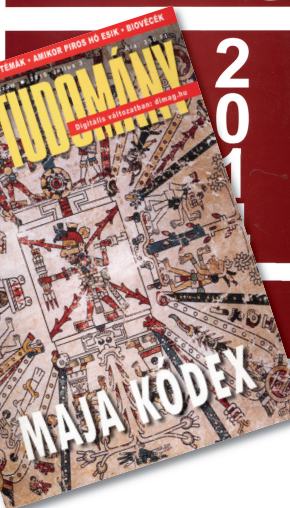
TERMÉSZETTUDOMÁNYI KÖZLÖNY • 146. évf. 6. sz. • 2015. JÚNIUS • ÁRA: 690 Ft



■ DENEVÉREK ÉS VIRUSJÁRVANYSOK
■ FÉNY ÉS ÁRNYÉK: IRÁNYT
■ IMMUNVALÓSZÁLLÁS A RÁK ELLEN
■ A MATEMATIKUS IS LEHET SOKSZÍNŰ – BESZÉLGÉS KATONA GYÜLL

■ ÜSTÖKOSJÁRVÁS
■ A RÁGADÓUS CHICKEN
■ NAGY SZÁMOK TÖRTE

valóság



Jöjjön a Planetáriumba, olvassa lapjainkat!

Biológiai hálózatok a nyáltól a dzsungelig

Az élő rendszerek hierarchikusan szerveződnek; a molekuláktól a sejtekig, az egyedektől a populációkig rengeteg struktúra és folyamat működését kell megismernünk, ha meg akarjuk érteni az élet evolúcióját. Az egyik legizgalmasabb probléma pedig éppen annak megértése, hogyan alkotják a kisebb egységek a következő, nagyobb szintet. Nem pusztán azt szeretnénk tudni, hogy például hány molekula van egy sejtben, vagy hány állat egy populációban, és nem is pusztán csak azt, hogy azok éppen milyenek (például milyen a molekulák relatív koncentrációja, milyen koreloszlásúak az egyedek), hanem elsősorban azt, hogyan viszonyulnak egymáshoz. Hogyan hatnak kölcsön egymással, miféle módon tudják egymás viselkedését befolyásolni, milyen topológia (kapcsolási diagram) szerint építik fel a következő szintet. Más szóval, milyen hálózatoskat alkotnak. Mindebből az is következik persze, hogy a hálózatok kutatása kicsit mindig elvisz a tudományterületek közötti határmezsgyékre: a molekuláris biológus és a sejtbiológus, a viselkedésbiológus és a populációbiológus vagy éppen a populációbiológus és az ökológus közötti párbeszédet, az érdeklődési területeik közötti hídverést segíti.

A kicsi egységek nagyobb egységekbe történő szerveződését tehát remekül le lehet írni gráfmodellekkel, a hálózatos szemléletmód pedig sokat elmond az élet hierarchikus szerveződéséről (1. ábra). Lássunk néhány példát, szándékosan összevissza rendezve, nehogy abbahagyják a cikk olvasását a felénél a molekuláris biológusok, és nehogy csak a közepénél kezdjék az ökológusok.

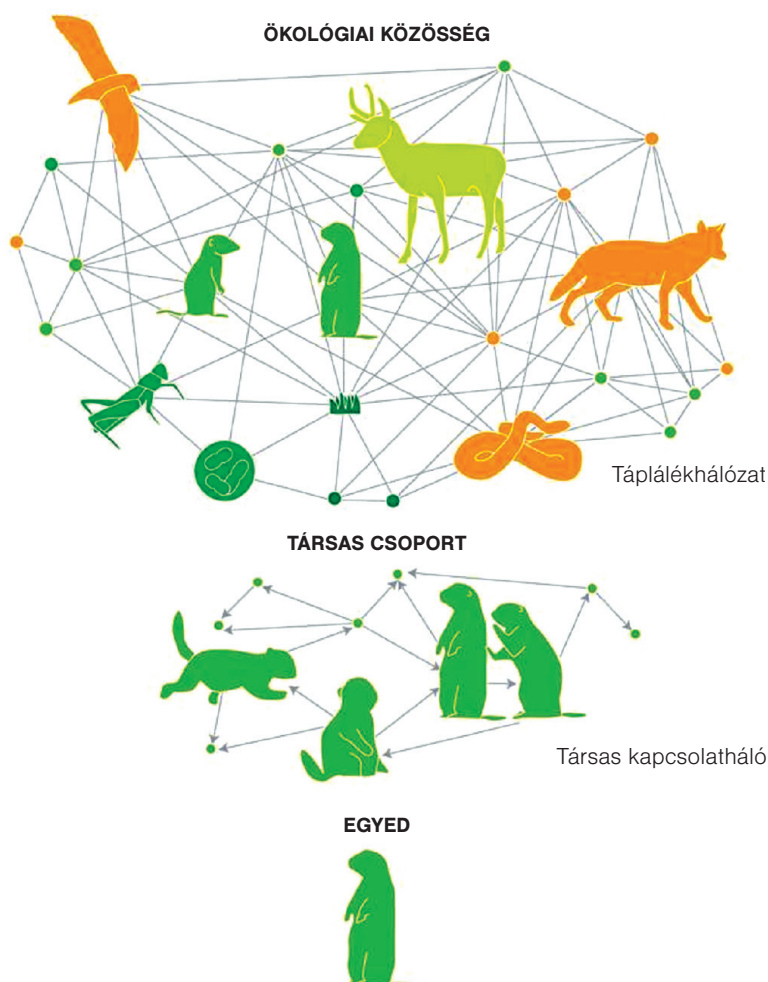
A kis hálózat is hálózat

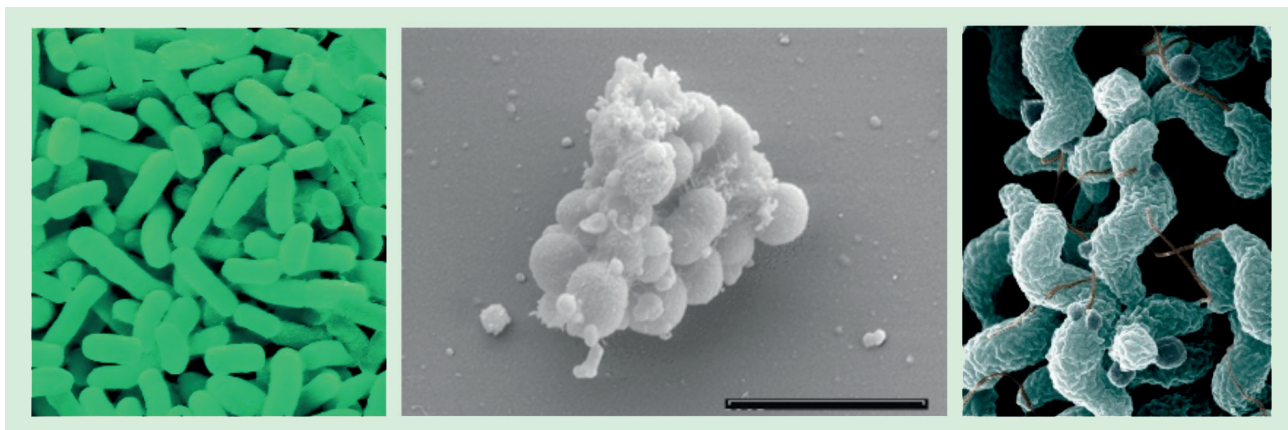
A kapcsolathálózatok kutatása hosszú múltra tekint vissza. A kisebb számítógépek korában az adatokat még egyenként kellett megszerezni és kézzel lábbal kellett összerakni, míg manapság már gombnyomásra élénk tárul egy komplex hálózat valamilyen bioinformatikai adatbázisból. A módszertani alapok javát már régen kidolgoz-

ták, amikor azokat még nem is lehetett igazából használni (néhány hálózati tulajdonság csak nagy hálózatokra használható). Napjainkban a vizualizáció és a nagy adattömegek kezelése jelenti a fő kutatási csapásirányt. Egy talán kicsit félresikeredett paradigmaváltás azt sugallja, hogy a nagy hálózatok az igazán izgalmasak, de a biológiai

kutatási eredmények mégis inkább arra engednek következtetni, hogy a kis hálózatok legalább olyan érdekesek, mint a nagyok. Sőt egy kisebb hálózat elemzésének eredményeit valóban van esélyünk megérteni vagy ellenőrizni, míg egy komplexebb rendszerről szóló információk gyakran pusztán megfoghatatlan számok. Egy

1. ábra. Az egyedek csoportokat (itt most az egyszerűség kedvéért populációkat) alkotnak, a társas kapcsolathálózat köti össze őket. A különböző fajú populációk pedig ökológiai közösséget alkotnak, ezeket például a táplálékhálózat kapcsolja össze. A sematikus kép azt hangsúlyozza, hogy a szerveződési szintek egymásra épülésének megértése valójában nagyrészt hálózatos probléma





2. ábra. Főszereplők a nyálban. A *Prevotella* (a), *Veillonella* (b) és a *Campylobacter* (c) csoportokba tartozó organizmusok az emberi nyál bakteriális ökoszisztémájában kiemelkedő szerepűek. A hálózat részletes vizsgálata és a kapcsolatok, illetve csomópontok pozíciójának számszerűsítése izgalmas predikciókkal szolgál (pl. rejtett kapcsolatok), melyeket érdemes lehet laboratóriumi körülmények között is tesztelni

20–30 csomópontból álló kapcsolathálózat szerkezetében például a centrális pontokat, ha kell, egyenként végig tudjuk nézni és azok biológiai jellemzőit alaposan ki tudjuk értékelni, de egy több ezer csomópontot tartalmazó fehérjehálózatban legfeljebb a legfontosabb vagy szűrőpróbaalapon néhány fehérjét tudunk vizsgálni.

Emellett elmondható, hogy egy adott biológiai rendszert többféle hálózattal is lehet reprezentálni, és a kisebb vagy nagyobb hálózati modell között nem az a különbség, hogy melyik jobb és melyik rosszabb, hanem az, hogy mást mondanak el ugyanarról az objektumról. Egy tengeri ökoszisztéma táplálékhálózata tartalmazhat 500, 50 vagy 5 csomópontot is aszerint, hogy fajok (pl. *Eurytemora affinis* evezőlábú rák), kisebb funkcionális csoportok (mikrozooplankton) vagy éppen nagy energetikai kompartmentek (másodlagos fogyasztók) közötti kapcsolatokat mutatnak. Mindegyik hálózat mond valamit, és ha igazán látni akarjuk, mi történik a tengerben, érdemes a különböző méretű (tehát felbontású) hálózatokat egymás mellett vizsgálni.

Egy hálózat nem hálózat

Ha fel akarjuk térképezni, hogy valamilyen biológiai rendszer elemei között milyen kapcsolatok alakulnak ki és szeretnénk megérteni ezek rendszerét, izgalmas dolog lehet tehát a hálózatelemzés. Azonban a kapcsolathálózat felvázolása rengeteg szubjektív elemet és módszertani lötyögést tartalmaz: a legtöbb esetben elmondható, hogy ahány kutató, szinte annyiféle hálózat készülhet ugyanazon rendszer leírására. A hálózatok kisebb-nagyobb eltérései pedig alaposan befolyásolhatják a hálózatelemzés eredményét. Emiatt ésszerűen kell tartanunk, hogy igazán megbízható és használható eredményeket csak valamilyen komparatív elem-

zésből kaphatunk. Ilyenkor különböző, de azonos módszerrel megalkotott hálózatok tulajdonságait hasonlítjuk össze egymással. Nézzünk erre néhány példát.

Térsorozatok

Sokszor attól nyer értelmet a hálózatelemzés, hogy egy kölcsönhatási rendszer kettő vagy több változatát is le tudjuk írni és a közöttük látható különbségeket elemezzük. Az emberi tápcsatornában több százféle baktérium él, ezek össztemege testsúlyunknak is jelentős hányadát adja. A baktériumokat hagyományosan jókra és rosszakra osztjuk, persze legtöbbször a kórokozókra foglalkozunk (pl. *Clostridium*). Manapság egyre finomabb képet tudunk már alkotni arról, hogy az egyes fajoknak vagy törzseknek pontosan mi a szerepük, és milyen a különböző mikroorganizmusok között kialakuló kapcsolatrendszer: hányféle fajt (törzset) tudunk detektálni, hányféle kölcsönhatás alakul ki közöttük, ezek mennyire tekinthetők állandónak, mely csoportok állnak a kölcsönhatási hálózat közepén. A modern bioinformatika nagy adatbázisai ma már viszonylag egyszerűvé teszik azt is, hogy adatok hatalmas mennyiségét gyorsan és egyszerűen modellbe foglaljuk. Ha például nyálból mintát veszünk, feltérképezhetjük a szájüreg mikrobiális ökoszisztémájában kialakuló kapcsolatrendszert és meghatározhatjuk a legfontosabb organizmusokat. A leggyakrabban előforduló szervezetek közé tartozik a *Prevotella* (2a. ábra), de a hálózat közepén nem kiugróan gyakori. Szintén tömeges, és a hálózat közepét is uralja a *Veillonella* (2b. ábra). A legizgalmasabbak azok a csoportok, amelyek nem annyira gyakoriak, mégis kiemelkedően fontos a szerepük a kapcsolathálózat közepén, ilyen a *Campylobacter* (2c. ábra). Mielőtt azonban túl komoly következtetéseket vonnánk le ezekből az eredmé-

nyekből, érdemes körülnézni testünkben és látni a változatosságot. Ürülékből vett minta alapján ugyanis azt láthatjuk (lényegében tehát a tápcsatorna végső traktusát megmintázva), hogy a *Faecalibacterium* és a *Bacteroides* a közösség szerkezetét uraló, domináns organizmusok. A nyál és az ürülék mikrobiális közössége nagyrészt eltér, de vannak persze fontos, mindkettőben előforduló csoportok (pl. *Dialister*). A nyál és az ürülék közötti nagy távolság persze sok mindent megmagyaráz, de az is látszik, hogy a legtöbb organizmus mindkét helyen jelen van, a legfontosabb interakciók és a hálózatok szerkezete fokozatosan változnak. A *Lachnospiraceae* csoportba tartozó organizmusok állnak a hálózat közepén, ha egységes rendszerként tekintünk a nyál és az ürülék közösségére. Elhagyva a tápcsatornát, érdemes megismerkedni a vagina lakóival is. Itt egy viszonylag egyszerű, alacsony diverzitású közösség található, melyben a *Lactobacillus* az egyeduralgó. Ez az organizmus előfordul a tápcsatornában is, de ott kevésbé jelentős a szerepe és nem is tömeges. A vagina sajátos mikroklímájában viszont ő érzi magát a legjobban.

Érdekes különbségeket tapasztalhatunk, ha anyatejen és tápszeren nevelkedett, vagy éppen hagyományosan és császármetszéssel született gyermekek bélcsatornájának a mikrobiális ökoszisztémáját hasonlítjuk össze. Az anyatejjel táplált gyermekek mikrobiális ökoszisztémája kevésbé diverz, mint a tápszereseké. Császármetszés hatására pedig a gyermek bélflórája jobban hasonlít a bőr mikroflórájához, mint a hagyományos szülést követően. Ezen különbségek megértése napjaink feladata, de annyi már jól látszik, hogy modern bioinformatika nélkül aligha lenne reményünk ilyen témákat kutatni, és például konkrétan a hálózatelemzés is sokat segít a rendszerek makroszkopikus tulajdonságainak összevetésében. Nagyon nagy mennyiségű adat együttes vizs-

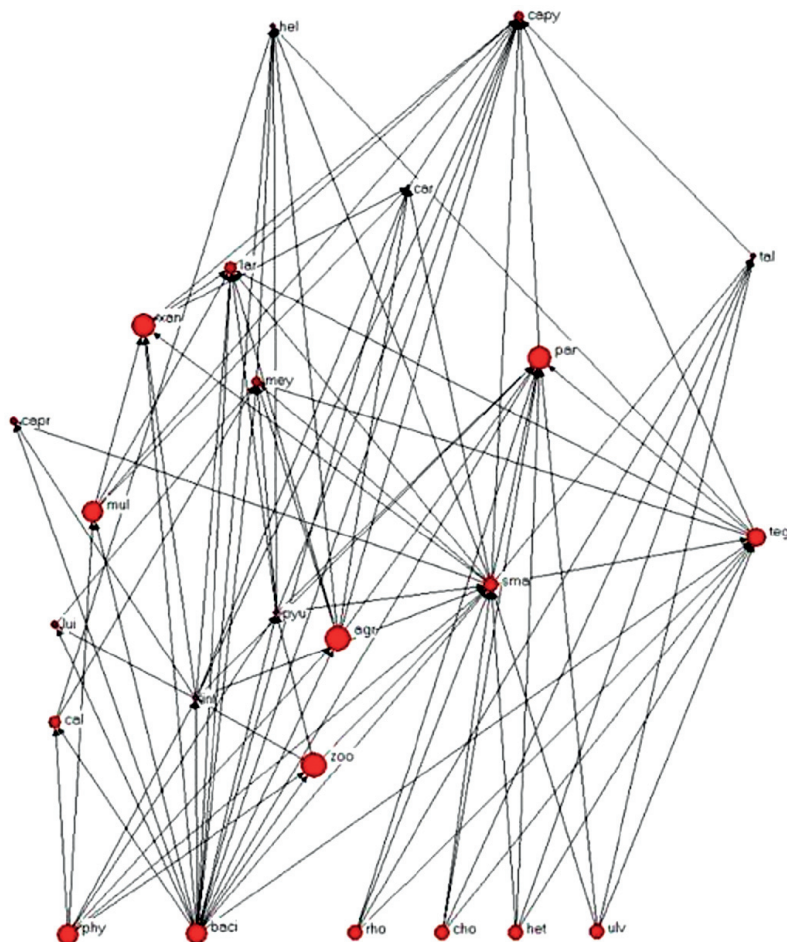
gálata mutatja meg a rendszerszintű különbségeket.

A leírtak nagyobb skálán is érvényesek. Az ökológiai közösségek kapcsolatrendszerre, a fontos pozíciókban lévő komponensek kiléte jelentősen változhat, ha térben kicsit arrébb vizsgálódunk. A borneói Kallian-folyó felső folyásának (trópusi öserdőben ered) kapcsolatrendszerét az algák dominálják, az alsóbb folyásnál (emberi települések közelében) már a mindenevő és ragadozó halak közösségszerveződésben játszott szerepe emelkedik ki. A chilei Tongoy-öböl táplálékhálózatának (3. ábra) vizsgálata alapján pedig elmondhatjuk, hogy az *Argopecten purpuratus* kagyló dominálja a tengeri füves aljzatú területeket, a *Meyenaster gelatinosus* tengeri csillag a homokos-kavicsos részeket, a *Cancer polyodon* tarisznyarak a homokos, végül a *Cancer porteri* tarisznyarak az iszapos aljzatú öbölrészeket. Ha ezek közül egyetlen területen vizsgálódunk csak, nem kapunk teljes képet az ökoszisztéma kapcsolatrendszeréről, de az adatok összevonása és valamilyen „általános öbölmodell” megalkotása is félrevezető lehet. Amennyire lehet, célszerű nyomon követni a térbeli változatosságot.

Idősorozatok

A hálózatok összehasonlításának másik módja az, hogy ugyanazt a kapcsolatrendszer különböző időpontokban vizsgáljuk meg és megnézzük a hálózat szerkezetének változásait. Ha vannak is bizonytalanságok a hálózat megalkotása során, ezek remélhetőleg konszisztensek maradnak és a különböző időpontokat leíró hálózatok közötti különbségek már valóban informatívak.

Kolorádóban élő mormotacsapatokban (sárgahasú mormota, *Marmota flaviventris*) az egyedek közötti kapcsolatok alakulását vizsgálják a kaliforniai egyetem (UCLA) kutatói. Már több éves idősorozatok is rendelkezésükre állnak, és ezekből jól látszik, hogyan változik egy-egy egyed szerepe az idő során. Egy viszonylag absztrakt, a szociológiában használatos elemzés alapján például megállapítható, hogy a fiatal nőstények okozzák a legnagyobb szerkezeti feszültséget a kölcsönhatási hálózatban. A különféle szintű társas viselkedést mutató állatfajok közül már egyre több esetben sikerült feltérképezni a csoportokon belüli kapcsolatrendszert és az ilyen vizsgálatokból származó információk egyre inkább érdeklik például a védelmi és katonai szervezetek, a kutatási téma egyre komolyabb támogatást kap. A Duke Egyetemen működő NESCent kutatócentrum például több éves programot szentelt az állatok társas kapcsolathálózatainak kutatására, ennek lassan megjelenő eredményei forradalmasíthatják a szocialitás eredetéről alkotott nézeteinket.



3. ábra. A chilei Tongoy-öböl táplálékhálózata. Legalul a termelők, legfelül a csúcsragadozók láthatók. Az egyes fajokat (illetve trofikus csoportokat) mutató piros gráfpontok mérete attól függ, mennyire tekinthetők centrálisnak (mennyire vannak „a hálózat közepén”) egy bizonyos centralitási index szerint. Nem teljesen automatikusan, de legalábbis munkahipotézisként elfogadhatjuk, hogy ezek a közösség működésében legfontosabb szerepet játszó organizmusok. A modern rendszerökológia és a rendszerszemléletű természetvédelem nagy kihívásai közé tartozik, hogy megértsük, a hálózat szerkezete tényleg megmutatja-e számunkra a kulcsfontosságú fajokat, fajcsoportokat

A táplálékhálózatok kutatása pénz- és munkaigényes, de itt is találunk jól leírt időbeli sorozatokat évszakos (Chesapeake-öböl, Észak-Amerika) és évtizedes (Perui felszálló áramlási rendszer) skálán is. Ilyen nagy futamidejű kutatások kapcsán viszont már érdekes dilemmával szembesülünk: a változó, fejlődő módszertan sokszor olyan adatbázisokat eredményez, melyek nehezen összehasonlíthatók egymással. Kérdés, érdemes-e a komparabilitás oltárán feláldozni a módszertani fejlesztések eredményeit.

A hálózatsorozatok vizsgálata fontos lépés afelé, hogy jobban átlássuk a közösség működését. A konkrét dinamikai vizsgálatokhoz persze ennél több kell, részleteiben fel kell tárni a mechanizmusokat leíró összefüggéseket és ennek figyelembe vételével valódi szimulációs modelleket lehet már alkotni (lásd később).

Egységes módszertan

Ha sem térbeli, sem időbeli sorozat nem áll rendelkezésünkre, még mindig segíthet az, ha teljesen más rendszerek hálózatait hasonlítjuk össze egymással, de olyanokét, amelyeket azonos módszertannal írtak le. Talán meglepő, de ez a legnehezebb megközelítés. Egy kölcsönhatási rendszer feltérképezése során a kutatóknak annyi gyors döntést kell hozniuk, és ezek sokszor rendszerspecifikusak, hogy nehéz rájuk erőltetni valaki más módszertani útmutatóját. Ez elég általános probléma, akár mormotacspatról, akár sejtről, akár ökoszisztémáról van szó. Ennek ellenére léteznek általánosan elfogadott módszertani elvek, melyek elég nagy és egymással összehasonlítható hálózatokat tartalmazó adatbázisok létrehozását teszik lehetővé. Ilyen például a (főleg tengeri) táplálékhálózatok model-

lezésére szolgáló EcoPath módszertan, melyet kutatók százai használnak Kanadától a Fülöp-szigetekig és Perutól Skóciáig. Többek között az FAO is EcoPath modelleket használ a tengeri halászati trendek vizsgálatához. Persze minél egységesebb egy módszertan, annál többen kritizálják, de ez már a változatosság dicsérete.

Szerkezet és működés

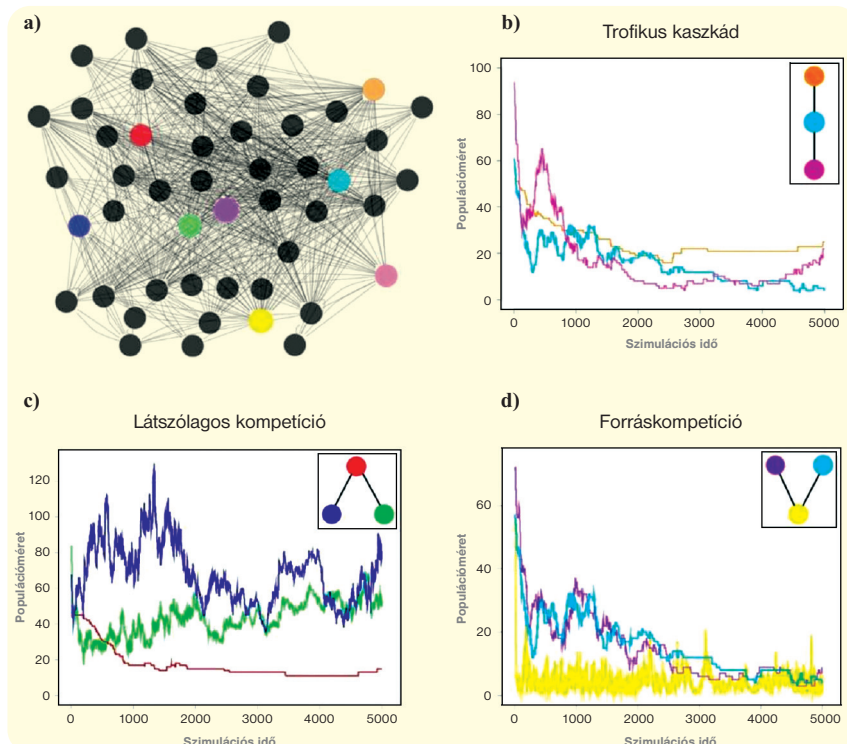
A hálózatelemzés viszonylag gyors, egyszerű és vonzó eszköztárat ad a bonyolult biológiai rendszerek vizsgálatához. Kérdés azonban, hogy egy sejt vagy ökoszisztéma szerkezetéről kapott információ mennyire segít megérteni, vajon valójában hogyan működik a vizsgált rendszer. Röviden, hogyan lehet ellenőrizni a hálózatelemzés eredményeit. Az elegáns, szépen illusztrált eredmények leginkább akkor hasznosak, ha van valamilyen prediktív erejük is, azaz segítenek előre jelezni, miféle viselkedést várunk el egy bizonyos szerkezettel rendelkező hálózattól.

Sok esetben igen nagy nehézségeket okoz az eredmények tesztelése. Az Atlanti-óceán táplálékhálózatából kiszámolhatjuk, mely organizmusok vannak a hálózat „közepén”, de marad a kérdés, vajon valóban ezek megzavarására a legérzékenyebb-e az ökoszisztéma. Nem írhatjuk ki az összes tonhalat vagy krillt csak azért, hogy lássuk, valóban úgy működik-e a rendszer, ahogyan azt kiszámoltuk. Ugyanígy nem rúghatunk ki egy gyereket egy iskolai osztályból, nem zárhatunk be egy metrómegállót, nem pusztíthatunk el egy elefántot vagy mormotát, pusztán a kísérletezés érdekében. Pedig nyilván érdekes lenne elvégezni a fenti kísérleteket a társas kapcsolathálózatok, a közlekedési hálózatok vagy az állatok csoport-szerkezetének megértése szempontjából, mégis más módszerhez kell folyamodnunk.

A hálózatok viselkedését a számítógép segítségével is lehet vizsgálni: a szimulációs modelleket nehéz felépíteni (sok adat kell hozzájuk) és még nehezebb kiértékelni (például a paraméterek sokféle lehetséges kombinációja miatt), de sokszor nem marad más hátra, mint ezekkel ellenőrizni a szerkezet alapján előre jelzett viselkedést. Az alasz-

kai Prince Williams-öböl az egyik legjobban feltérképezett ökológiai rendszer, „hála” az Exxon Valdez tanker katasztrófájának és az azt követő olajszennyezésnek, melynek óriási volt a társadalmi visszhangja is. A tragédiát követően hirtelen felgyorsuló ökológiai kutatások során a közösség táplálékhálózatát igen alaposan leírták és a hálózatelemzés mellett különféle szimulációs modellekkel is vizsgálták az ökoszisztéma működését. A 4. ábra a táplálékhálózatot mutatja, illetve néhány szimulációs görbét, melyeken 3–3 egymással kölcsönható fajcsoport együttes viselkedése látszik. Ezeket a szimulációkat a Microsoft Research rendszerbiológiai kutatóintézetében (Trento, Olaszország) futtatták (látható, hogy a rendszerbiológia és a „keményebb” tudományok kölcsönösen segítik egymást). A hálózat szerkezeti elemzése szerint például a fitoplankton és a kisebb gerinctelenek tűnnek az ökoszisztéma működésének fenntartásában legfontosabb szerepet játszó élőlényeknek, de a szimulációs modellek inkább a közepes méretű halak néhány csoportjának jelentőségét jelzik előre (pl. bonito). Az alaposan kielemezett modell tanulságai szerint a hálózatok kutatás akkor tudja a legpontosabban előre jelezni a rendszerben lezajló folyamatokat, ha egyrészt figyelembe veszi a kölcsönhatások erősségét (tehát nem pusztán bináris módon, igen/nem, azaz eszi/nem eszi alapon kezeli azokat), másrészt pedig figyelembe veszi az indirekt kölcsönhatásokat is (tehát a szomszédok szomszédait is). Az ilyen típusú eredmények fognak talán elvezetni ahhoz, hogy lassan tényleg megértsük, hogyan kell a hálózatokat „használni”.

4. ábra. Az alaskai Prince William-öböl táplálékhálózata, melyben a színes fajok közötti indirekt kölcsönhatási modulok szimulált viselkedését mutatják a grafikonok. A narancssárga, világoskék és halványlila színű jelölt fajok közötti trofikus kaskád alakul ki, a táplálékhálózat szimulációja során pedig nyomon lehet követni ennek a modulnak a viselkedését (tehát a fajhármasság dinamikáját, hangsúlyozottan a teljes közösség kontextusában). A világoskék színű faj egyben verseng is a sötétlilával a citromsárga táplálékforrásért (forráskompetíció), a sötétkék és a zöld pedig egyaránt a piros prédáért (látszólagos kompetíció). Talán ez utóbbi esetben látszik legjobban, amit egyébként is várnánk a modelltől: a két préda egymással váltakozva szaporodik el, hiszen versengenek a ragadozómentes tértért



A hálózatos gondolkodás tanulságai

Az indiai dzsungel madarai igézően szépek és változatosak. A rovarvők közül néhányan arra specializálódtak, hogyan találják meg a hirtelen, tömegesen felbukkanó táplálékot, mások pedig arra, hogyan vegyék észre, ha mások megtalálták azt, és kövessék azokat. Kevért fajú madárcsapatok elemzése alapján meg lehet állapítani, ki kit követ, és fel lehet térképezni a madarak „követési hálózatát”. Ebben a kulcsszereplő egyértelműen a drongó (5. ábra): nélküle egy sor madárfajnak sokkal nehezebb lenne táplálékot találnia. Ha meg akarjuk védeni ezeket a madarakat, a hagyományos gondolkodás szerint meg kellene becsülnünk tömegességüket, és sorban, egyenként el kellene kezdeni megvédeni a ritka fajokat. A hálózatos gondolkodás ezt kiegészítő információt ad: egy madárfaj nemcsak ezért szorulhat védelemre, mert ritka, hanem azért is, mert fontos, például a madárközösség szerveződése és működése szempontjából. Ilyen alapon pedig inkább az

amúgy nem túl ritka drongó védelme indokolt: ha a drongó jól érzi magát, egy sereg más fajt sikerül talán automatikusan megmenteni. Ez a logikus, hatékony és bölcs hozzáállás.

A hálózatelmélet megtanít tehát arra, hogy egy-egy biológiai objektum (egy fehérje, egy baktérium, egy egyed, egy faj) jelentőségének fontos aspektusa, hogy az milyen szerepet tölt be a nagyobb rendszer működésében. Egy madár lehet szép, de fontosabb, hogy mennyire hasznos tagja a madárközösségnek. ☆

A bemutatott kutatást az OTKA T037726 számú pályázata támogatta.

Köszönetnyilvánítás

A megfelelő kutatási témák kapcsán köszöneti illeti a kollaboráló kollégákat: Hari Sridhar (Bangalore, India, erdei madárközösségek), Thomas Okey (Vancouver, Kanada, Prince William-öböl táplálékhálózata), Marco Ortiz Hinojosa (Antofagasta, Chile, Tongoy-öböl táplálékhálózata), Mario Lauria, Thanh-Phuong Nguyen és Marco Scotti (Trento, Olaszország, emberi mikrobiális ökoszisztéma). A 1. ábra elkészítésért köszönet illeti Bianca Baldacci grafikust.

Irodalom

- Allen, T. H. F. and Starr, T.B. 1982. *Hierarchy: Perspectives for Ecological Complexity*. Chicago: The University of Chicago Press.
- Jordán, F., Baranyi, G. and Ciochetta, F. 2010. A hierarchy of networks spanning from individual organisms to ecological landscapes. *Network Science: Complexity in Nature and Technology* (Estrada, E., Fox, M., Higham, D. J. and Oppo, G.-L. szerk.), Springer Verlag, Berlin, pp. 165–184.
- O'Neill, R. V., DeAngelis, D. L., Waide, J. B. & Allen, T. F. H. (1986) *A Hierarchical Concept of Ecosystems*. Princeton: Princeton University Press.
- Crooks, K. R. & Soulé, M. E. (1999) Mesopredator release and avifaunal extinctions in a fragmented system. *Nature*, **400**, 563–566.
- Polis, G. A., Anderson, W. B. & Holt, R. D. (1997) Toward an integration of landscape and food web ecology: the dynamics of spatially subsidized food webs. *Annu. Rev. Ecol. Syst.*, **28**, 289–231.
- Barton, R. A., Byrne, R. W. and Whiten, A. (1996). Ecology, feeding competition and social structure in baboons. *Behav. Ecol. Sociobiol.*, **38**, 321–329.
- Leibold, M. A., Holyoak, M., Mouquet, N., Amarasekare, P., Chase, J. M., Hoopes, M. F., Holt, R. D., Shurin, J. B., Law, R., Tilman, D., Loreau, M. &



5. ábra. A Nyugati-Ghat madárközösségének oszlopos tagja a paradicsomdrongó (*Dicrurus paradiseus*). Ez a faj hatékonyan találja meg a foltokban előforduló táplálékforrásokat, más fajok pedig hatékonyan követik őt, hogy elvegye azokat a táplálékforráshoz

- Gonzalez, A. (2004) The metacommunity concept: a framework for multi-scale community ecology. *Ecol. Lett.*, **7**, 601–613.
- Livi, C. M., Jordán, F., Lecca, P. & Okey, T. A. (2011) Identifying key species in ecosystems with stochastic sensitivity analysis. *Ecol. Model.*, **222**, 2542–2551.
- Faust, K. (2006) Comparing social networks: size, density, and local structure. *Metodološki zvezki*, **3**, 185–216.
- Sih, A., Hanser, S.F. & McHugh, K. A. (2009) Social network theory: new insights and issues for behavioral ecologists. *Behav. Ecol. Sociobiol.*, **63**, 975–988.
- Holt, R. D., Holyoak, M. & Leibold, M. A. (2005) Future directions in metacommunity ecology. *Metacommunities. Spatial Dynamics and Ecological Communities* (M. Holyoak, M. A. Leibold & R. D. Holt, eds). Chicago: The University of Chicago Press, pp. 465–490.
- Patten, B. C. (1991) Concluding remarks. Network ecology: indirect determination of the life-environment relationship in ecosystems. *Theoretical Studies of Ecosystems - The Network Perspective* (M. Higgashi & T. P. Burns, eds). Cambridge: Cambridge University Press, pp. 288–351.
- László, E. (2004) Nonlocal coherence in the living world. *Ecol. Complex.*, **1**, 7–15.

A Természet Világa készül új különszáma A Fény Nemzetközi Éve alkalmából

(Tervezett témakörök és szerzőik)

- A Fény Nemzetközi Éve* – és hazai rendezvényei. Beszélgetés **Kroó Norbert** akadémikussal
- Solt György**: *Az Ősrobbanás fénye*
- Abonyi Iván – Radnai Gyula**: *A fény Nobel-díjasai*
- Patkós András**: *Létezhet-e anyag fény nélkül? Kutatás a fénytelen anyag után*
- Kiss László**: *Fénygyűjtés – égboltfelmérések*
- Kolláth Zoltán**: *Fényszennyezés*
- Cserti József**: *Égi fényintézmények a szivárványtól a sarki fényig*
- Pézt Béla**: *Atomi felbontású fényképezés az anyag szerkezetéről*
- Vass László**: *Fényforrások útja a LED-ig*
- Farkas Győző**: *Hogyan készül és mire jó az ultrarövid fényimpulzus?*
- Szabó Gábor**: *Lézeres kutatóközpont Szegeden. Az ELI*

- Horváth Ottó**: *Fotokémia és környezeti kémia*
- Szabad János**: *Fény, első óra és napi ritmus*
- Horváth Gábor**: *A fény polarizáció légköroptikai, meteorológiai és biológiai alkalmazásai*
- Schiller Róbert**: *Fotoelektrokémia, zöld hidrogén, zöld villamosság napfényből*
- Lente Gábor**: *Kémiai reakciók fénykibocsátással, kemilumineszcencia*
- Bálint Zsolt – Biró László Péter**: *Hogyan, miért csillagnak a csillagok?*
- Andrásfalvy Bertalan**: *Világító pipettahegy*
- Solt Judit**: *Fény az építészetben*
- Csáji Attila**: *Fényművészet*

A Fény éve különszámunk a Magyar Tudományos Akadémia támogatásával készül. Megjelenése 2015 novemberében várható.



**2015 – A FÉNY
NEMZETKÖZI ÉVE**

Élek és élet

Az agygráf

A bőrgyógyász egy páciens vizsgálatánál onnan tudja, hogy egészséges bőrt lát, hogy az „olyan, mint amilyen az egészséges bőr szokott lenni”, azaz nem talál rajta semmilyen kóros eltérést az egészséges bőrfelületekhez képest. Az ortopéd orvos onnan tudja, hogy egészséges csontozatot lát, hogy az „olyan, mint az egészséges csontozat szokott lenni”, azaz hasonlít az egészséges emberek csontozatához.

Az agykutató eddig nem tudta apró részleteiben áttekinteni egy egyén agyának összeköttetéseit, és azt összehasonlítani az „átlagos”, egészséges aggyal, nem volt „átlagos” összeköttetéseket tartalmazó, részletes agymodell. A weben szabadon elérhető „Budapest Referencia Konnektóm Szerverrel” azonban ez ma már lehetséges, mert kutatócsoportunk elkészítette 96 egészséges felnőtt, egyenként 1015 csúcsú agygráfjának konszenzus-gráfját [1]. A web-szerver a <http://connectome.pitgroup.org> címen érhető el. Írásunkban bemutatjuk, hogyan is készült a webszerver, és hogy ez miért érdekes.

A matematika megtermékenyítő ereje

A fizika a XX. század elején azért volt képes hihetetlen gyorsasággal fejlődni, mert rendelkezésre álltak olyan matematikai eszközök, melyekkel nagy pontossággal le lehetett írni új fizikai jelenségeket. A biológia egyes területei – így a genetika, a DNS- és a fehérje-szekvenciák analízise, a fehérjemolekulák röntgendiffrakciós feltérképezése, valamint a teljes emberi genom szekvenálása – szintén nagyban támaszkodik a (sokszor mély) matematikai eljárásokra, és így gyorsan kifejlődhetett a bioinformatika és erre alapozva a különböző nagy átbocsájító képességű „omikák”: genomika, proteomika, metabolomika, metagenomika. Ebből a szédületes fejlődésből az agy kutatása a mai napig kimaradt, mert – eddig – nem tudta integrálni a matematika fejlett és mély eszközeit. Ez azonban az utóbbi néhány évben megváltozott. A diffúziós és funkcionális MRI-felvételek kiértékeléséhez, értelmezéséhez komoly, mély matematika szükséges akár az adatgyűjtési fázisban, akár az adatok kiértékelésében is. Ezért a matematika gyorsan betört már az agykutatásba is.

Az agyi idegsejtek a nyúlványaikon keresztül kapcsolódnak egymáshoz. Azonban az, hogy pontosan hogyan és hol futnak ezek a nyúlványok, többnyire lényegtelen, az sokkal inkább érdekes, hogy pontosan mely idegsejtek, azaz neuronok kapcsolódnak mely más neuronokhoz. Az ilyen objektumok közötti kapcsolatok gráfokkal írhatók le jól.

A gráfok tulajdonságaival a gráfelmélet foglalkozik már mintegy 274 éve: a gráfelmélet születése Leonhard Euler községi hidakról írott tanulmányával datálható 1741-ből [2]. A gráfelmélet igen gyors fejlődésen ment keresztül a XX. században, különösen annak második felében, és még a matematikusok számára is megdöbbentő mélységeit sikerült feltárni. A fejlődésében döntő szerepet játszottak magyar kutatók is, így König Dénes, Egervári Jenő, Turán Pál, Erdős Pál, Bollobás Béla, Szemerédi Endre, Lovász László, Hajnal András, Simonovits Miklós, Katona Gyula,

T. Sós Vera, Frank András, Frankl Péter, Füredi Zoltán, Ajtai Miklós, Komlós János, és még számos hazai kutató. Ma is sok kiváló matematikusunk dolgozik ezen a területen, világszínvonalú munkát végezve.

Az agy gráfjának, más néven konnektómjának tanulmányozása igen izgalmas kérdés. Az agyi szürkeállomány különböző részei közötti kommunikáció teszi lehetővé mind az alacsony, mind a magas szintű agyműködést. Ez a kommunikáció az idegsejtek nyúlványaiból, az axonokból álló idegrostokon keresztül történik. Mai eszközeinkkel gyakorlatilag feltérképezhetetlen, hogy az emberi agy több mint 80 milliárd neuronja hogyan kapcsolódik egymáshoz. Még az ecetmuslica az emberi agynál jóval egyszerűbb, mintegy 100 000 neuronból álló agyának a gráfja (a FlyBrain) sem ismert, dacára a nagyon jelentős erőfeszítéseknek. Ha hüen szimulálni szeretnénk az emberi agy működését, az ma még számtalan akadályba ütközne, kezdve azzal, hogy még a neuronok működését, belső felépítését sem ismerjük teljes körűen, így azokat nagyon nagy vonalakban tudjuk csak modellezni. A neuronok közti kapcsolatok, vagyis a szinapszisok szimulációja sem egyszerű, hiszen nem elég csak azt megállapítani, hogy mely neuronok mely neuronokhoz kapcsolódnak, hanem azt is tudnunk kell, hogy melyik szinapszis milyen ingerületátvivő anyagot használ.

Amikor tehát azt mondjuk, hogy „agygráf”, akkor nem feltétlenül a neuronok és szinapszisok által meghatározott, felfoghatatlanul komplex hálózatra gondolunk, hanem ennek egy durván egyszerűsített változatára. Kézenfekvő, hogy ha az agyat gráfelméleti szempontból vizsgálni akarjuk, akkor a neuronok helyett nagyobb működési egységeket kell választanunk a gráf csúcsainak. Így a mai agygráfok (konnektómok) legtöbbször abból indulnak ki, hogy az agy szürkeállományát bizonyos módon felosztottuk agyterületekre, majd az éleket az alapján fogjuk behúzni, hogy az idegrostok/axonok mely területek között futnak. A gráf csúcsai tehát az agyterületek, az élek pedig az idegpályák, amelyek ezeket a területeket összekötik.

Azzal, hogy a több tízmilliárd neuron helyett néhány nagyobb agyterületet vizsgálunk, vitathatatlanul redukáltuk a problémát, de továbbra is vannak megválaszolandó kérdések. Például, ha rendelkezésre áll egy alany, akkor hogyan térképezzük fel azt, hogy az ő agyában melyik terület melyikkel és milyen mértékben van összekötve? Hogyan osszuk fel az agyat területekre?

Agyi kapcsolatok feltérképezése MRI-rel

Az agyon belül az idegsejtek sejtteste jellemzően sötét színűek és az agy külső részén helyezkednek el, ezek összességét nevezzük szürkeállománynak. Hasonlóan, az axonokat tartalmazó idegrostok jellemzően világos színűek és az agy belső részén helyezkednek el, ezek összességét nevezzük fehérállománynak. Az axonok jellemzően nem egymástól függetlenül hálózák be a fehérállományt, hanem a hasonló lefutású axonok akár több ezres kötegekbe rendeződnek. Ezeket nevezzük idegpályáknak.

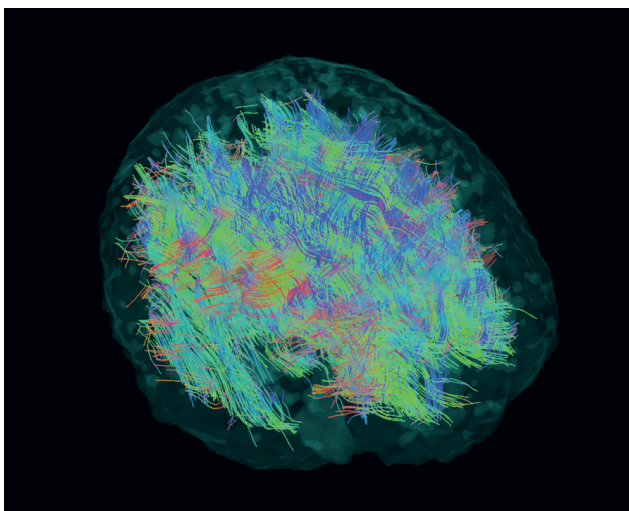
A fehérállomány és szürkeállomány elválasztásában, a szövetek felderítésében a diffúziós MRI (dMRI) lesz a segítségünk. Az alapelv az, hogy a különböző szövetekben a vízmolekulák áramlási/diffúziós tulajdonságai is különböznek. dMRI segítségével képesek vagyunk egy adott pontban és irányban mérni a víz diffúziós sebességét, így megfelelő számú felvétel után képet alkothatunk az adott pont diffúziós viselkedéséről. Az eredmény minden pontban torzított gömbbel szemléltethető: ha a vízmolekulák egy kitüntetett irányban mozognak, akkor a gömb ellipszoiddá nyúlik ugyanabban az irányban; ha minden vízmolekula csak véletlen Brown-mozgást végez kitüntetett irány nélkül, akkor marad szabályos gömb.

Ezen információ segítségével képet alkothatunk a szövet finomszerkezetéről. Az eljárás neve High Angular Resolution Diffusion Imaging, azaz HARDI. Előnye, hogy semmiféle beavatkozást vagy kontrasztanyagot nem igényel, így alkalmazható érzékeny szövetek vizsgálatára is, és különösen sikeresen alkalmazható agyi szövetekre. Ennek oka a fehér- és szürkeállomány élesen különböző diffúziós viselkedése. Amíg a sejtestek között a vízmolekulák minden irányban közel azonos sebességgel áramlanak, addig az axonokban jelentősen könnyebben haladnak az axon tengelyének irányában. Így a szürkeállomány izotróp viselkedést mutat (azaz a fenti magyarázatban gömbbel szemléltethető a vízmolekulák diffúziója). A fehérállományban a vízmolekulák nagyobb valószínűséggel haladnak az axont követve, és így nyújtott ellipszoid írja le a vízmolekulák diffúzióját. Ezért a fehérállomány anizotróp viselkedést mutat. Ez egyrészt lehetőséget ad dMRI-vel a fehér- és szürkeállomány elkülönítésére, másrészt a fehérállományban a pontok preferált irányának követésével lehetséges az idegpályák rekonstrukciója. Ezt az eljárást nevezzük traktográfiának.

Traktográfiára is több algoritmus ismert és használt, még nem alakult ki standard. Mi a leggyakrabban használt „Line Propagation”-eljárást alkalmaztuk: az eljárás a fehér- és szürkeállomány határáról egy tetszőleges kiindulópontban meghatározza a preferált irányt, és követi, amíg egy új mérési pontba jut, ahol is vált az aktuális pont preferált irányára. Ezt ismétli, amíg újra a fehér- és szürkeállomány határára kerül. A bejárt út alkotja a lekövetett pályát.

A Connectome Mapping Toolkit nevű eszközzel MRI-felvételekből agygráfot tudunk készíteni. Itt többféle felbontásban is elkészül az agygráf, amelyek közül a legdurvább, azaz legkevesebb csúcsból álló felbontás az úgynevezett Desikan–Killiany atlaszra

A traktográfia eredménye: a felderített idegrostok. Ha egy rost két olyan szürkeállománybeli területet köt össze, amelyek egy-egy gráfcsúcsnak felelnek meg, akkor a két csúcsot éllel kötjük össze a gráfban



épül. Ennek az atlasznak előnye az, hogy az itt definiált agyterületek viszonylag jó megbízhatósággal, automatikusan azonosíthatók egy MRI-felvételen, mivel a szerzők kellő alaposzággal definiálták, hogy mely agytekevénnyek mely részei tartoznak az egyes csúcsokhoz. Mindkét félteke nagyjából 34 kérgi ROI-ra (region of interest), azaz „érdekes régióra” van osztva, de ezen kívül a program képes azonosítani kéreg alatti régiókat is. Ide tartoznak a törzsdúcok (bazális ganglionok). De egyéb fontos régiókat: a talamuszt, az amigdalát és az agytörzset is azonosították. Így egy agygráf mindösszesen 83 csúcsból fog állni, vagyis ezzel a módszerrel ennyi részre tudjuk osztani az agyat. De ez még csak a legalacsonyabb felbontású atlasz, mivel a program képes az agyat egy 1015 területből álló atlasz alapján is felbontani. Ez az atlasz a Desikan–Killiany atlasznak a finomítása, vagyis az abban található régiók még további kisebb részekre vannak osztva.

Azt gondolhatnánk, hogy a nagy felbontású atlaszokkal több információt nyerhetünk az agyról, de ez nem feltétlenül igaz. A jobb felbontású atlaszok hátránya, hogy itt már kisebb a megbízhatósága annak, hogy megfelelően azonosítunk egy régiót az agyban. Ez azért van, mert bár makroszinten viszonylag egyforma az agyunk felépítése, de minél nagyobb felbontást nézünk, annál több anatómiai eltérést tapasztalunk. Ezen kívül a sokrégiós felosztásoknál már jobban elmosódik a funkcionális határ, azaz elképzelhető, hogy más emberekben más területek látják el ugyanazt a funkciót. Ez pedig azt eredményezheti, hogy az agygráfok ugyanolyan elnevezésű (tehát egymással azonosított) csúcsai valójában nem feleltethetők meg egymásnak funkcionális értelemben. Valószínűleg ez a jelenség nagyobb régiók esetén ritkább.

Mik azok a webszerverek, és mire használhatók?

A bioinformatikában használatos szoftverek nagy része elérhető webes formában is. Ennek oka az, hogy maguknak a programoknak általában már a letöltése és telepítése sem egyértelmű, és csak a leghaladóbb felhasználóknak nem okoz gondot. Ezért, ha bioinformatikai szoftvert fejlesztünk, mindenképpen érdemes létrehozni egy böngészőben megnyitható, lehetőleg minél egyszerűbben használható felületet. Így a böngészőben a felhasználó pár kattintással, egyszerűen ki tudja próbálni a programot. A webes felületek rendszerint nem teljes értékűek, az összes paraméter beállítása többnyire csak a letölthető verzióban lehetséges. De, ha a felhasználónak erre van igénye, akkor is szívesebben megbirkózik a telepítéssel, ha már előtte ki tudta próbálni a program könnyen kezelhető verzióját az interneten keresztül, és megbizonyosodott arról, hogy egy működőképes bioinformatikai eszközzel áll szemben. Nem elhanyagolható szempont az sem, hogy így több érdeklődőt tudnak vonzani a honlapjukra, így többen ismerhetik meg az alkotók munkáját egy jól megtervezett webszerver által.

Az egyik leghíresebb ilyen eszköz a BLAST (Basic Local Alignment Search Tool), amelynek segítségével egy adott DNS- vagy fehérjeszekvenciához hasonlókat kereshetünk egy adatbázisban. A BLAST webes verziója (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) gyakorlatilag az igények 90%-át kielégíti. Előnye még a letölthető verzióval szemben, hogy az amerikai National Institutes of Health NCBI szerverein fut, tehát várhatóan gyorsabban végez a feladattal, mintha az otthoni laptopunkon futtatnánk.

Egy másik híres webszerver a Clustal Omega (<http://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/>), amely egy multiple alignment eszköz, azaz egyszerre több (DNS- vagy fehérje-) szekvenciát képes kihagyasok (gapek) közel optimális beszúrásával egymás alá igazítani.

A PIT Bioinformatikai Csoport is több webszerveret üzemeltet (<http://pitgroup.org/tools/>). A cél itt sem más, mint a könnyű kezelhetőség, ami nem megy a használhatóság rovására. Talán legnépszerűbb webszerver itt az AmphoraNet, ami a M. Wu és A. J. Scott által kifejlesztett AMPHORA2 metagenomikai fájösszetétel-elemző

programhoz biztosít egy egyszerű webes felületet. Ezzel környezeti minták baktériumfaj-összetételét vizsgálhatjuk. Ehhez kapcsolódik az AmphoraVizu, amellyel letisztult grafikonokat gyártunk az AmphoraNet kimeneti adataiból. A Protein Sequence Analysis nevű webszerver könnyen kezelhető grafikus felületet biztosít reguláris kifejezés alapú fehérjeszekvencia-kereséshez. A SCARF (Simple Combinatorial Association Rule Finder) egy adatbányászati webszerver, amellyel ún. kombinatorikai asszociációs szabályok fedezhetőek fel nagy adatbázisokban. A legújabb és eddig talán a leglátványosabb webszerver az oldalon pedig a Budapest Reference Connectome.

A Budapest Reference Connectome olyan eszköz, amellyel személyre szabhatjuk és térben meg is tekinthetjük a referencia agygráfot. Az 1-es verzió mindössze 6 db agygráfból készült, a 2-es (alapértelmezett) verzió viszont már 96 gráfot használ. Kiválaszthatjuk, hogy a teljes populáció, vagy csak a nők/férfiak átlag agygrábjára vagyunk kíváncsiak. Beállíthatjuk, hogy az alanyok legalább hány százalékában kell meglennie egy élnek ahhoz, hogy az bekerüljön a referencia agygráfba. A minimum élsúlyt is megadhatjuk, és azt is, hogy egy él súlyát átlagolással vagy medián szerint számoljuk ki a 96 gráfból. Az elkészült gráfot CSV és GraphML formátumban is letölthetjük: a CSV akkor jó, ha saját scripteket szeretnénk utána futtatni az agygráfon; míg a GraphML-t a különféle gráfelméleti/hálózatelemző szoftverekkel tudjuk megnyitni.

A webszerver leglátványosabb része a 3 dimenzióban forgatható agygráf, ahol a számítógép egerét az agyterületeket jelképező csúcsok fölé mozgatva láthatjuk azok nevét, rákattintva pedig a szomszédjait. A megjelenítéshez WebGL-képes böngésző szükséges, és esetleg a megfelelő bővítmény letöltése.

A referencia-agygráf konstrukciója

A következőkben leírjuk, hogyan lesz a 96 agygráfból egy, azaz hogyan számolja ki a szerverünk a referencia-agygráfokat.

A 96 agygráfunk mindegyike 1015 csúcsot tartalmaz, ezen csúcsok mindegyike egy-egy agyterületnek felel meg. Ezeknek a területeknek mindegyikét megszámoztuk 1-től 1015-ig. A csúcsokat az egyszerűség kedvéért elképzelhetjük úgy, mint 1015 kis gömböcskét a térben, amelyek mindegyikében egy-egy szám van, az adott csúcs neve. Mivel a vizsgált területek mind a 96 agygráfban ugyanazok, így csak abban különbözhetnek egymástól,

hogy mely területek között mértek kapcsolatot. Ha két agyterület közt mértek kapcsolatot, akkor képzeljük el, hogy a két agyterületnek megfelelő két gömböcskét összekötjük egy vonallal. Ezeket a vonalakat a gráf éleinek nevezzük. A 96 absztrakt agygráf tehát térben elhelyezett számozott gömböcskékből és azokat összekötő vonalakkból áll. Ezek mindegyike az adott személy agyának egy (egyszerű) absztrakt matematikai modellje.

A számítógépnek azonban nincs olyan jó képzelőereje, mint nekünk, ezért a gépnek az agygráfokat szöveges fájlkként kell megadnunk, amelyek mindegyikében – egyéb információk mellett – fel vannak sorolva az adott agygráf élei. Az éleket úgy tudjuk felsorolni, hogy elnevezzük őket. Az eddigi tömörségünkhöz híven egy él nevét alkossuk meg úgy, hogy a két végpontján lévő két csúcs sorszámát kötőjellel elválasztva egymás után írjuk, mégpedig úgy, hogy a kisebb sorszámút írjuk előre. Például a 32–125 nevű él a 32 és a 125 nevű csúcsokat köti össze.

A referencia-agygráfot számoló program működését legjobban úgy szemléltethetjük, hogy elképzeljük, hogyan számolnánk ki. Persze közben vigyáznunk kell arra, hogy az emberi nyelven megadott utasításokat könnyen át lehessen írni a számítógép nyelvére. Ez utóbbi utasítások egymásutánja maga a program, a Budapest Reference Connectome webszerver alapja. Amit részletezünk, az az algoritmus, vagyis a program működési elvének lényegi része. Annak is egy nagyon leegyszerűsített és ezért nagyon lassú változatát adjuk meg, de a lényeg megértéséhez ez éppen elegendő.

Először nézzük meg az első agygráfhoz tartozó szöveges fájlt, és kezdjük el olvasni soronként fentről lefelé. Abból a részből, amelyben az élek felsorolása van, írjuk le egy papírra az élek neveit egymás alá és mindegyik név mellé húzzunk egy strigulát. Ha végeztünk, nyissuk meg a második agygráfhoz tartozó szöveges fájlt és ezt is nézzük át sorokként haladva fentről lefelé. Ha olyan éllel találkozunk, aminek a neve még nem szerepel a papíron, annak a nevét írjuk le a lista végére és írunk mellé egy strigulát. Ha azonban olyan él-névvel találkozunk, ami már szerepel a papíron, azt a nevet ne írjuk le még egyszer, hanem húzzunk mellé egy további strigulát. Ha végeztünk, nyissuk meg a következő agygráfhoz tartozó fájlt (amelyik még nem volt) és járjunk el hasonlóan. Miután végignéztük mind a 96 fájlt, lesz egy hosszú él-listánk. Ez a mi példánkban egy 47 000 soros fájl lesz, ami rögtön mutatja, hogy nem véletlenül bíztuk a feladatot a számítógépre.

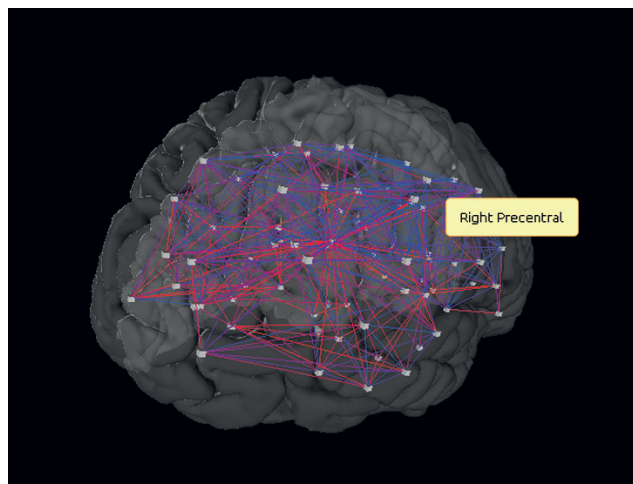
Könnyű meggondolni, hogy egy él neve mellett a strigulákat összeszámolva megkapjuk, hogy az adott él hány gráfban van benne. Ezek után, ha azt a kérdést teszi fel nekünk valaki, hogy „adjuk meg azt a referencia-agygráfot, amelyben azok az élek szerepelnek, amelyek legalább 14 agygráfban vannak benne”, akkor nem kell mást tennünk, csak végigmenni a listánkon és kimásolni azokat az él-neveket, amelyek mellett 14 vagy több strigula van. Ez az él-lista máris megadja a referencia-gráfot, mégpedig úgy, hogy elképzeljük a szokásos 1015 csúcsot, majd behúzzuk a listában szereplő éleket. Ugyanígy 14 helyett 1-től 96-ig bármely számra feltehetünk kérdést, mi tudunk válaszolni. 1-re azt a referencia-gráfot kapjuk, amelyben mind a 47 000 élt behúzzuk, 96-ra pedig csak azt a referencia-gráfot, amelyikben csak azok az élek szerepelnek, amelyek mind a 96 agygráfban benne vannak.

Sőt, extra szolgáltatásként azt is megtehetjük, hogy nemcsak strigulákat húzzunk az egyes él-nevek mellé, hanem sorban felírjuk az él súlyát az éppen soron következő agygráfban. Miután végeztünk a 96 agygráfhoz tartozó fájl átnézésével, a referencia-gráfban lévő élek súlyát megadhatjuk például úgy, hogy vesszük az él neve mellé írt súlyok átlagát. ☆

Irodalom

- [1] Balázs Szalkai, Csaba Kerepesi, Bálint Varga, Vince Grolmusz: The Budapest Reference Connectome Server v2.0, *Neuroscience Letters*, Vol. 595 (2015), Pages 60–62, DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.neulet.2015.03.071>.
- [2] Leonhard Euler, *Commentarii academiae scientiarum Petropolitanae* 8, 1741, pp. 128–140, vagy: <https://www.math.dartmouth.edu/~euler/pages/E053.html>.

A forgatható agygráf a Budapest Reference Connectome oldalon



Digitális multimédia hálózatok

A médiaterjesztés és médiafogyasztás átalakulása napjainkban

Az elmúlt évtized folyamán jelentősen átalakult a multimédia előállítás, terjesztése és fogyasztása. Átalakult az a hálózati, hozzáférési infrastruktúra is, amelyen a multimédia tartalmak elérhetők. Cikkünk áttekinti a médiakommunikáció mai technikai hátterét és elérhető szolgáltatásait, felvázolja ennek az új multimédia világnak a lehetőségeit és kihívásait, és bemutat néhányat a várható fejlődési irányok közül. Szó lesz a digitális televíziózásra való áttéréstől, a minőségi tévézés új technikai lehetőségeiről, a mobil multimédiáról, a közösségi médiáról és a közösségi tévéről, s végül a multimédia társadalmi vonatkozásairól.

Igyekszünk a folyamatok megértéséhez szükséges műszaki hátteret közérthetővé tenni, és csak a legszükségesebb mértékben élni szak kifejezésekkel. Egyet előljáróban ki kell emelnünk: a „média” fogalmát a különböző szakterületek (kommunikáció, tömegtájékoztatás, sajtó, rádió, televízió stb.) eltérő értelemben használják. A telekommunikációs, internetes világban viszont a multimédia szinonimájaként, a „tartalom” kifejezés rokonaként használatos, tehát a hang, a kép, a videó, a tévéműsor a média, és ezek továbbítása a média- vagy multimédia-kommunikáció.

Rövid történeti visszatekintés

Nem mindenki gondol Erdély szülöttjére, *Puskás Tivadarra*, amikor arra a kérdésre keresi a választ, hogy kinek a nevéhez fűződik a világon első médiaterjesztő rendszer és szolgáltatás. Pedig ő volt az, aki a „telefonhírmondó”-nak nevezett rendszert és szolgáltatást feltalálta, felismerve, hogy az akkor még nagyon új telefonhálózat – beszélgetések mellett – hírek, műsorok terjesztésére is alkalmas, és ezt meg is valósította Budapesten (1. ábra). Ezt nem sokára a rádió-műsorszórás, és a televízió követte, amelynek kifejlődése szintén egy – indokolatlanul kevésbé közismert – magyar feltalálónak, *Tihanyi Kálmánnak* köszönhető. Természetesen melllette olyan nagy emberek nevét kell megemlítenünk, mint

Guglielmo Marconit a rádiózással és *Vlagyimir Kozmics Zvorikint* a televízióval kapcsolatban. Marconival közel egy időben demonstrálta *Nikola Tesla* és *Alekszandr Popov* is a rádiós átvitelt, de közülük Marconi volt az, aki üzletileg is sikerre vitte a rádiókommunikációt. Mindez a XIX. és a XX. század fordulóján történt, tehát nagyjából 120 évvel ezelőtt. A 2. ábrán a lakihegyi rádióadó-torony látható, ahonnan sokáig a Kossuth Rádió műsorát

sugározták. Építése idején a világ legmagasabb adótornya volt a maga kb. 300 méteres magasságával, ma pedig műemlék. A televíziózás fiatalabb technika, az első nyilvános televíziós közvetítés az 1936-os berlini olimpiáról történt.

Digitális televízió

Ma a digitális televíziózás korát éljük. Az analóg-digitális átállás az elmúlt években központi téma volt a sajtóban, s a tévézők számára is fontos változást jelentett, jelent. Miről is van szó, mi rejlik az „analóg”, ill. „digitális” szavak mögött? Mit nyújt az egyszerű embereknek azért a kényelmetlenségért és többletkiadásért cserében, hogy új készülékre vagy kiegészítő eszközre, új antennára van szükség? Az első válasz az, hogy jobb kép- és hangminőséget, ahogy azt már a szintén digitális közvetlen műholdas vétel, vagy kábeltévé szolgáltatás nyújtja. A jobb minőség egyéb-

1. ábra. Puskás Tivadar és a telefonhírmondó





2. ábra. A lakihegyi adótorony a világ legmagasabb antennatornya volt építéskor
(Forrás: Wikipédia)

ként nemcsak tisztább képet és hangot jelent, hanem nagyobb felbontást is, a hagyományosan túl az ún. HD felbontást. Csak erről van szó? Nem, a digitális átállás jelentősége az, hogy ezen a módon tovább él a földfelszíni műsorszórás, amely nagyon sok ember, főleg a szegényebb rétegek, a falvakban és ritkán lakott területeken élők számára az egyetlen, vagy egyetlen megfizethető lehetőség. A digitális televízió-szolgáltatás az eddiginél több csatorna ingyenes nézését teszi lehetővé. A tévécsatornákat ún. multiplexekbe, csomagokba szervezik, ami a szolgáltatást tekintve azt jelenti, hogy egy ilyen kb. 7–8 csatornát tartalmazó multiplex ingyenesen vehető. A digitális televíziós műsorszórás ezáltal nemcsak továbbra is lehetővé teszi, hanem gazdagítja is a tájékoztató, szórakozási és művelődési lehetőségeket.

A digitális átállás kiemelt társadalmi fontosságú folyamat, és a kormányok jelentős erőfeszítéseket tettek ennek sikeréért. Példás volt Magyarországon a Nemzeti Média- és Hírközlési Hatóság által megvalósított digitális átállás projekt, amelynek keretében szinte minden érintett háztartást egyedileg kerestek meg, és tanácsadással, eszközökkel, a rászorultakat pedig anyagi támogatással segítették. A digitálisra való átállás számos országban már lezajlott, és további országokban folyamatban van, Magyarországon 2014 nyarán, ill. őszén történt meg, és ma már kevés gyengén ellátott terület van, ahol az adás ma még csak tetőantennával vehető.

„Lineáris” és „nemlineáris” médiafogyasztás

A televíziózás – digitális formájában is, tehát, ahogy mondtuk, jobb minőségben, nagyobb csatornaválasztékkal – megmaradt ún. lineáris médiafogyasztásnak. Ezen azt értjük, hogy a tévécsatornák előre megszerkesztett programokat, előre meghirdetett műsorterv szerint, egyszeri alkalommal sugároznak. Hasonlóképpen lineáris módon veszünk részt egy színházi előadáson, vagy nézünk meg egy filmet. Ezt azért érdemes hangsúlyozni, mert az utóbbi időben előtérbe kerültek a nemlineáris média különböző formái, elsősorban az interneten, ahol a felhasználó szabadon keres és tölt le az igényének és ízlésének megfelelő tartalmakat, pl. a YouTube-ról, és akkor nézi/hallgatja azokat, amikor akarja, vagy ideje van, s közben előre-hátra kereshet, részeket választhat ki, az érdekes részeket ismételtten megnézheti, és így tovább. A fiatalabb generáció számára egyértelműen ez a domináns médiafogyasztási mód. Most nem szeretnénk belemenni abba, hogy ez mennyire jó vagy kevésbé üdvös, mindenesetre tény. Megjegyezzük, hogy a nemlineáris filmnézés az idősebb generációtól sem idegen, és ha nem is az interneten, de olyan klasszikus hordozókon, mint régebben a VHS videomagnó, újabban a CD és DVD, a fentiekhez hasonló, bár nyilván szegényesebb lehetőségeket használhat az ember. Sőt, ha már itt tartunk, a könyv és az olvasás is ilyen, hiszen nem egyszer lapozunk

hátra utána nézni egy névnek, vagy mozzanatnak, amire nem emlékszünk, hagyjuk abba és kezdjük újra az olvasást, esetleg nem is onnan, ahol abbahagytuk.

IPTV

Visszatérve a digitális televíziózásra, a néző – mivel más típusú, nemlineáris médiafogyasztási lehetőségekkel és szokásokkal is rendelkezik – szívesen veszi a szigorú lineáris tévézési módszer fellazulását. A távközlési szolgáltatók által ajánlott ún. IPTV-szolgáltatás valami ilyesmit is nyújt. Az IPTV műszaki kifejezés, az ún. Internet Protokoll segítségével történő, vagy ahogy a szakemberek mondják, „IP feletti” televízió-továbbítást jelent. Erről elég annyit tudunk, amennyit a hétköznapi életből tudunk, tehát hogy a távközlési szolgáltató tipikusan az előfizető meglévő telefonvonalán nyújt – a vezetékes telefonálás és az internet-hozzáférés mellett – tévéműsorokat is. Az előfizető ezt nézheti számítógépen, de leginkább a szokásos tévékészüléken, egy külön egységgel, az ún. set-top-box segítségével. A szolgáltatónak ez jó, mert beléphet az eddig a kábeltévé szolgáltatók és a műsorszóró szolgáltatók által uralt piacra, a „triple-play”-nek nevezett kombinált szolgáltatásával (telefon + internet + tévé). Az előfizető pedig a hagyományos műsorszórásnál jóval rugalmasabban használható szolgáltatást kap. Így pl. a kedvenc tévéműsórát az első sugárzást követően megnézheti később, bármikor, az utólagos (ún. time-shift) nézést bármikor megszakíthatja és újakezdheti (ha háziasszony, akkor az otthoni sürgős teendői miatt), kap elektronikus műsorújságot, különböző személyre szabott szolgáltatásokat, így pl. a kedvenc műsorára való emlékeztetést, és a szolgáltató elektronikus videotékájából kedvére – és pénztárcájától függően – válogathat.

Internetes tévé

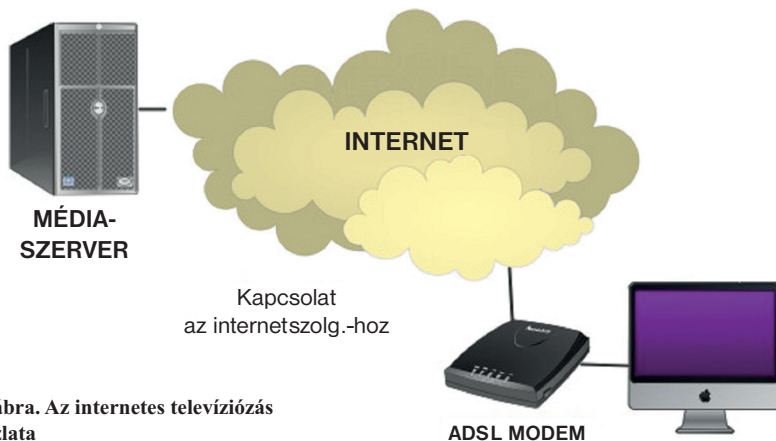
Az IPTV szolgáltatás tehát a telefonszolgáltató saját vezetékes infrastruktúráján működik. De mivel említettük, hogy technikai alapja az IP, az Internet Protokoll, amelyen az internet működése is alapszik, jogos a kérdés: lehet-e tévézni az interneten? A kérdés persze naiv, hiszen tudjuk, hogy igen, bárki találhat az interneten tévécsatornákat, legfeljebb kedvére valót nem... Mi akkor a különbség az IPTV és az internetes tévézés között? Az, hogy az előbbi dedikált hálózaton működik, az internet pedig sok minden másra is használatos, ebből adódóan jelentős minőségi különbséget lehet tapasztalni. Miért van ez? Azért, mert az IPTV-nél a szolgáltató az előfizető készülékéig vállal felelősséget a szolgáltatá-

Közösségi média, social media

Mivel most már rátértünk az internetre, említettük az internetes médiaterjesztést és „fogyasztást”, lépünk egyet tovább, hiszen az internetre ma már nem az egyéni felhasználók, hanem egyre inkább azok internetes közösségei a jellemzők. Rendkívüli módon elterjedtek a közösségi hálóak, a „social network”-ök. Az **1. táblázatban** a legnagyobbak adatai láthatók, 2014-es gyűjtésű adatokkal.

A közösségi hálóak egyben személyes videotartalmak közzétételére is szolgálnak, bár az igazi fotó- videomegosztó portálokon – ilyenek például a flickr, az Instagram (a Facebook tulajdona), vagy a YouTube (ma már a Google tulajdona) – a közzétett videókat, fotókat a látogatók megjegyzésekkel is elláthatják, „kommentelhetik”.

A közösségi média kifejezés pontosan azt jelenti, amit a két szó jelez: a közösségi hálóak és a személyes média metszetét, kombinációját. Ahogy egyfelől a közösségi hálózatok mindennapjaink részévé váltak, úgy másfelől a személyes média egyre inkább közösségi lett. Nézzük pl. a fotókat. Ahogy korábban a magunkról, családunkról, utazásainkról készült fényképeket papírdobozokban, albumokban gyűjtöttük és tároltuk, manapság egyre inkább elektronikus dobozokban, eleinte a saját gépünkön, majd az interneten tesszük ezt. A digitális fényképezőgépek, videofelvevők, fotó- és videoképeségű okostelefonok és táblagépek elterjedése miatt olyan mennyiségű anyagot generálunk, hogy szükség is lett újfajta tárolási és megosztási módszerekre. Olyanokra, amik segítségével könnyen kiválaszthatjuk a megosztandó multimédia tartalmakat és azok körét, akikkel ezeket meg akarjuk osztani. Továbbmenve, a közösségi hálókat arra használhatjuk, hogy közzétegyük a megosztani kívánt tartalmakról a fontosnak tartott kísérő, kapcsolódó információt, megjegyzésekkel láthassuk el azokat, és a közösségi vélemények alapján rá is kereshetünk a kívánt tartalomra.



3. ábra. Az internetes televíziózás vázlata

sért, az internet esetében viszont a tartalom-szolgáltató részéről csak annyi történik, hogy a műsorait valahol elérhetővé teszi az interneten a szerverein, a felhasználó pedig bárhol a világon, az internetkapcsolatát felhasználva megpróbálja elérni ezeket a szervereket. Ezt illusztrálja a **3. ábra**. A tartalom-szolgáltató szerverét a felhasználó bárhol, akár a Föld túlsó oldaláról is, elérheti a nyilvános interneten keresztül.

A szolgáltatási láncban tehát nem egyetlen szereplő van, hanem több, és közülük az utolsó, a felhasználó szempontjából pedig az első, mert hozzá legközelebbi, az internetszolgáltató, elterjedt angol rövidítéssel az ISP (Internet Service Provider). Ez utóbbi nem vállal semmiféle felelősséget azért, hogy a nézni kívánt tévéműsor megfelelő minőséggel legyen élvezhető. Sőt, mivel általános internet-szolgáltatást nyújt, nem is tudja, hogy a felhasználó éppen tévécsatornát akar élvezni, és nem mondjuk e-mailezik, vagy a Wikipédiát böngészi, esetleg beszélget a barátjával skype-on. Van erre egy angol rövidítés, az OTT, „Over-the-top Content”, amelyben a „valami felett”, „valaminek a tetején” jelző arra utal, hogy a tartalom a szolgáltató és a

felhasználó között az interneten utazik, internetszolgáltatók szolgáltatására „ráülve”. A két legismertebb szolgáltató egyike, a Netflix több, mint 40 millió előfizetője van, s havidíjas alapon, számos tévétársaság műsorait kínálja, és bár az USA-ból indult, mint szinte minden újdonság a médiaiparban, már számos más országban elérhető. A Hulu, amelynek alapítói nagy tévétársaságok, jelenleg még csak az USA-ban és Japánban fizethető elő. A helyzet gyorsan változik, és csak idő kérdése, mikor jelennek meg Kelet-Közép-Európában is. Érdekesség még az Apple tv. Ez a **4. ábrán** látható kis doboz, benne egy internet-böngésző és Wi-Fi, és a tévékészülékre kell csatlakoztatni. Tartozéka egy egyszerű kis távirányító, de lehet okostelefonról is vezérelni. Segítségével fizetős és nyilvános tartalmak tölthetők le az internetről, az előbb említett nagy internetestévé-szolgáltatók kínálata is elérhető az említett országokban, és segítségével a számítógépen, okostelefonon és táblagépen tárolt multimédia tartalom is kényelmesen élvezhető a nagyképernyős tévében. Magyarországon a www.mediaklikk.hu oldalon lehet a közszolgálati csatornák műsorait elérni, részben élőben.

4. ábra. Apple TV (Forrás: <http://www.apple.com/hu/appletv>)



Közösségi háló	Milyen jellegű?	Felhasználószám
FaceBook	Általános, blog, fotó, alkalmazások	1,2 milliárd
Google+	Általános	500 millió
Twitter	Microblogging, RSS, video sharing	100 millió
Tumblr	Általános, microblogging, tizen/huszonevesek, rohamosan növekszik!	83 millió blog, 188 milliárd poszt
LinkedIn	Szakmai, üzleti kapcsolatépítés	200 millió
Megosztó hely	Milyen jellegű?	Felhasználószám
Flickr	Fotó	30 millió
Instagram (FBook)	Fotó, videó	150 millió
YouTube (Google)	Videó	

1. táblázat. Néhány közösségi háló és megosztó hely adatai

Beszéljünk most egy kicsit a tartalom előállításáról! A megosztó portálok és közösségi hálók felhasználói, tagjai ma már nem csupán médiafogyasztók, hanem média-előállítókká is váltak. Jó pár éve javasolta valaki valahol a világban a „producer” és a „consumer” kombinációjaként a „prosumer” szót, ami azóta el is terjedt. Egyszerre vagyunk producerek és consumerok. A személyes fényképek csak egy fajtája a User Generated Content-nek (UGC), amelynek a jelentése: a felhasználó által generált, előállított tartalom. A „digital storytelling” ismét egy angol kifejezés, illetve amerikai, mert az USA-ban kezdett elterjedni ezelőtt vagy másfél évtizede. Digitális történetmesélésnek lehet fordítani. Formája sokféle lehet, a képeket, videót hangos elmondással, zenei aláfestéssel kísérve, lehet feliratozni, és mindenféle effektet használni. Mire van szükségünk egy ilyen produkciót létrehozásához? A jó forgatókönyvön kívül nagyon kevés dologra, és semmiképpen sem nagy befektetésre: kell valamilyen digitális kamera, lehet okostelefon is, és egy szerkesztő szoftver, amely a számítógépünkön általában rendelkezésre is áll (pl. Apple iMovie, Windows MovieMaker). Mivel ilyen egyszerűen lehet eseményekről felvételt készíteni, és mindig vannak emberek a közelben, ahol és amikor valami fontos esemény történik, az UGC a professzionális hírműsorgyártás fontos kiegészítőjévé vált. A mobil felhasználók gyakran készítenek felvételeket tévécsatornák és internetes hírportálok számára, és ilyen bevételeket gyakran láthatunk is, mivel a készítői ott voltak a helyszínen, mielőtt a tévé stábjá egyáltalán odaérhetett volna, nem beszélve a professzionális felvételhez való nekikészülődésről.

mény történik, az UGC a professzionális hírműsorgyártás fontos kiegészítőjévé vált. A mobil felhasználók gyakran készítenek felvételeket tévécsatornák és internetes hírportálok számára, és ilyen bevételeket gyakran láthatunk is, mivel a készítői ott voltak a helyszínen, mielőtt a tévé stábjá egyáltalán odaérhetett volna, nem beszélve a professzionális felvételhez való nekikészülődésről.

Közösségi tévé, social tévé

Ha az előbbieken a személyes tartalmak és a közösségi hálók interszekciójáról volt szó, akkor most térjünk át a tévézés és a közösségi elem kombinációjára. Bevezetésként nézzük meg a multimédia-fogyasztás lehetőségeit, környezetét (5. ábra).

Az egyik a „nappaliszoba”-környezet, a tévézés hagyományos színtere, ahol nagy képernyőn, jó minőségű képmegjelenítéssel és hangrendszer alkalmazásával élvezik a nézők a tévéműsorokat (legalábbis azok, akik ezt megengedhetik maguknak). A tévéműsor többféle forrásból jöhet: 1. a levegőből (digitális földfelszíni vagy műholdas műsorszóró szolgáltatást használva), 2. telefonhálózaton (az IPTV szolgáltatást használva), 3. az internetről. Alapvetően li-

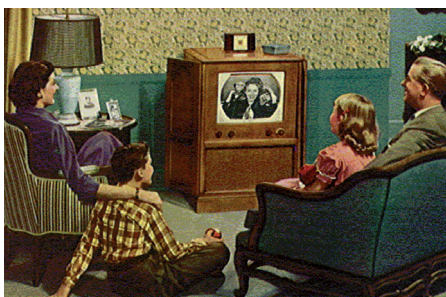
neáris fogyasztásról van szó, ahogy már említettük, esetleg korlátozott interakciós lehetőségekkel.

A másik környezet a számítógépes. Mivel az ember manapság hosszú órákat tölt a munkahelyén vagy otthonában az asztali számítógépe, laptopja előtt, érthető, hogy ezek az eszközök a multimédia tartalom fogyasztásában is egyre növekvő szerepet töltenek be. Már beszéltünk arról, hogy számos tévécsatorna érhető el az interneten, és a felhasználók által létrehozott és megosztott tartalom is óriási mennyiségű. A számítógép mellől ugyanakkor minden, számunkra érdekes kísérő információt is beszerezhetünk az internetről, pl. a nézett filmről: a rendezőről és a színészekről, a helyszínről, vagy a regényről, amely alapján a film készült.

Végül a harmadik a mobil környezet. Technikailag ez a legérdekesebb terület. Videomegjelenítés, internet-hozzáférés, beépített rádióvevő és még sok más egy kis készülékben, és ami a legkomolyabb műszaki kihívást jelent: a mobilitás, annak biztosítása, hogy bármely hálózatról, sima hálózatváltásokkal, a médiafolyam megszakadása nélkül működjön a dolog, úgy, ahogy ezt a mobilbeszélgetések esetén már megszoktuk. Tipikus szcenárió lehet pl. az, hogy otthon, munkába indulás előtt a lakás Wi-Fi hálózatára csatlakozva elkezdjük nézni a híradót, vagy egy sportesemény közvetítését, majd elindulunk a munkahelyünkre. Kilépve a házból, járművön utazva, mobil adatátviteli szolgáltatás (3G, LTE) használatával sima átmenettel, zökkenőmentesen folytatjuk, készülékünk adaptálódik az aktuálisan elérhető jó, vagy kevésbé jó minőséget nyújtóhoz. A munkahelyünkre beérve, a vállalat nagysebességű vezeték nélküli hálózatára csatlakozik a készülékünk, és ha még nem kezdünk el dolgozni, ott fejezhetjük be az adott műsor nézését. (Megjegyzem, nem biztos, hogy mindenki lázba jön ettől a lehetőségtől, és lehet, hogy a járműveken zsebre vágja az okostelefonját és inkább újságot vagy könyvet vesz a kezébe, már ha nem zsúfolt a busz, a villamos, vagy a vonat.)

Mindenesetre érdekesnek tűnik ennek a három környezetnek, tehát a lineáris mé-

5. ábra. A multimédia-fogyasztás három jellegzetes környezete





6. ábra. Az MIT Social TV-je (Forrás: „TR10: Social TV. Relying on relationships to rebuild TV audiences. 10 most important emerging technologies”, MIT Technology Review, May/June 2010)

diafogyasztást jó minőségben nyújtó napalyszobai tévénézésnek, a számítógépes multimédiának és a mobilitást biztosításának a kombinálása, felhasználva a közösségi hálókat a médiatartalmak megjelölésére, annotálására, ajánlásokra, a kísérő információk terjesztésére a legkülönbözőbb szűkebb vagy tágabb közösségekben.

A Social TV-t a világ egyik leghíresebb műszaki egyeteme, a bostoni MIT – Massachusetts Institute of Technology – 2010-ben a 10 legígéretesebb új technológia egyikének tartotta. Az ottani kutatói közösség ki is dolgozott egy prototípust, amely iránt olyan nagy cégek mutattak érdeklődést, mint a British Telecom (6. ábra). Mit tud ez a kis készülék, illetve a mögötte lévő rendszer? Egy központi videó-adatbázis van mögötte, lehetővé teszi a felhasználói adatok megosztását közösségi hálókön, vezérli a megjelenítés a tévékészüléken, és egy iPhone alkalmazás segítségével a nézők és közösségeik kommentálják, minősítik, ajánlják stb. a műsorokat.

A multimédia kommunikáció fő alkalmazási területei

Az eddigiekben a szórakoztató célú alkalmazásokról, szolgáltatásokról beszéltünk (ha nem is teljes körűen, hiszen például az on-line játékokról nem esett szó), most térjünk ki röviden azokra az alkalmazásokra, amelyeknek rendkívül nagy a társadalmi fontossága. Olyan, a mindennapi életünk-

be egyre inkább beágyazódott területekre gondoljunk, mint az internetes tanulás, az e-learning, amelynél a multimédia tartalom kulcsszerepet játszik, az audio-vizuális kommunikációval segített távtárgyalások, távelőadások, az intelligens városi alkalmazások széles skálája, és végül, de nem utolsósorban az e-health és távgógyászati alkalmazások. Ezek mindegyike részletes tárgyalást igényelne, ezért itt most csak egy területet szeretnénk felvillantani, az egészségügyet és azon belül is a telemedicinát, magyarul távgógyászatot. Röviden szólva, egészségügyi szolgáltatások nyújtásáról van szó olyan környezetben, amikor a gyógykezelést végző orvos és a beteg nem egy helyen van, hanem egymástól távol, akár a Föld másik oldalán. Az első dokumentált telemedicina-alkalmazást a 60-as években működtették Bostonban, a Logan nemzetközi repülőtér és a Massachusetts General Hospital között. Ebben a telemedicina rendszerben diagnosztikai adatokat továbbítottak a repülőtéri orvosi rendelő és a kórház között, hogy a rászorulóknak szakszerű segítséget tudjanak nyújtani anélkül, hogy a repülőtérén komolyabb egészségügyi személyzetet kelljen fenntartani. Az ilyen és hasonló telemedicina-rendszerek két fő alkotóeleme a képi diagnosztikai információt (EKG, röntgen, CT, MRI) továbbító – egyirányú – multimédia-kommunikációs rendszer és a helyszíni személyzet, valamint a távoli szakértők közötti kétirányú audiovizuális kapcsolatot biztosító videokonferencia-összeköttetés. Az „m-health” egy

kapcsolódó, újabb keletű divatos kifejezés, amely a mobil kommunikációt alkalmazó egészségügyi szolgáltatásokra utal. A telemedicina talán legérdekesebb területe a távsebészeti alkalmazások, amelyek skálája a távoli helyszínen végzett műtétekhez nyújtott távoli szakértői segítségtől a teljesen távolról végzett műtétekig terjed. Műszakilag is rendkívül érdekes, a multimédia kommunikációt és a robottechnikát ötvöző területről van szó, amelynek a társadalmi fontossága is jelentős, gondoljunk csak katasztrofásújtott területeken nyújtott egészségügyi ellátásra, katonai alkalmazásokra, de az űrhajósok sürgősségi sebészeti ellátása sem a távoli jövő kérdése.

Mit hoz a jövő?

Technikai és szolgáltatási trendek

Végül is már az eddigiekben is trendekről, várható fejlődésről beszéltünk a social media, social tv kapcsán. Nézzük, mit hozhat még a jövő az új technológiák és szolgáltatások terén.

Térhatású tévé

A technikai fejlesztések a minél élethűbb audiovizuális reprodukció irányában történnek. A térélmény megvalósítása, a 3D, azaz háromdimenziós reprodukció lehetne az egyik fontos továbblépés. Mozikban már egy ideje találkozhatunk 3D filmekkel, hordozókon (Blue Ray DVD) is vannak ilyenek, és 2–3 éve kísérleti tévéadásokról is hallhatunk. Angliában a BBC 2011-ben kezdte el a kísérleteket és a 2012-es nyári olimpiai játékok megnyitó ünnepségét a 3D-képességű tévével rendelkező 1,5 millió angliai háztartás mintegy felében nézték. 2013 végén azonban a BBC úgy döntött, 3 évre felfüggeszti a 3D tévéadásokat. Hasonló a helyzet másutt is, az Egyesült Államokban és Ausztráliában is kezdődtek kísérleti adások, amelyeket tavaly a szolgáltatók beszüntettek. Miért történt így? S miért van az, hogy a ma kapható új 3D képességű tévékészülékek felhasználóinak legnagyobb része nem használja ezt a funkciót? A válasz többrétű. Egyrészt a 3D tévé a jelenlegi technikai megvalósításban nem elég vonzó. Nincs igazi térélmény, csupán egy speciális kettős kamerával felvett kép által keltett mélységérzet, a kép mintha előre jönne felénk a képernyő vagy a mozivásznon síkjából. Ráadásul ehhez speciális szemüvegre van szükség, amely korábban kétszínű (ún. anaglif) szemüveg volt, ma inkább polarizált szemüveg. Ezt a nézők nagy többsége kényelmetlennek találja. A másik ok az, hogy a térhatású megjelenítés iránti nézői igény erősen műfajspecifikus és leginkább sci-fi vagy fantasy filmeknél jelent többéltérélményt. Emiatt is, és más okok miatt is a tartalomkínálat igen szegényes, ahogy az imént említettem, nincsenek tévéadások,

így 3D-tartalomhoz legfeljebb Blu-ray DVD formában lehet hozzájutni, de ebből is kevés van. A helyzet megváltozhat, ha elterjed a szemüveg nélküli 3D technika.

Egy más irányú minőségi javítás, a nagyfelbontású kép, úgy tűnik, fontosabb lesz a nézők számára, mint a térhatás. Már a HD is előrelépés volt ebben az irányban az analóg tévénél megszokott, majd a digitálisban is alkalmazott SD – standard definition – minőséghez képest. Ma a digitális kamerák és a tévékészülékek többsége tudja a HD minőséget, amely 1920×1080 képpontot jelent. Ehhez képest az ún. UHD – ultra HD – felbontás kétszerannyi, sőt a másik változatában négyszer annyi képpontot jelent vízszintes irányban. Ez a nagy felbontás először a vetítőben került alkalmazásra, az UHD-képes televíziókészülékek 2013-ban jelentek meg.

Visszatérve a térélményre: persze nem azt akartuk mondani, hogy a nézők ne igényelnék ezt, pusztán azt, hogy a jelenlegi, két kép alapján előállított mélységélmény, különösen ha kényelmetlen segédeszközt kell használni, nem elég vonzó. Az igazi térélményt adó technika áttörést jelenthet a térhatású videorendszerekben. Ezt a technikát úgy hívják, hogy „Free viewpoint 3D TV”, azaz szabad nézőpont-választású térhatású tévé. A néző szabadon választhatja meg azt a helyet, ahonnan az adott jelenetet nézni szeretné, mint ahogy ezt a valóságban is megteheti. Ez elég egyszerű, sőt jogos elvárás, ám az ezt lehetővé tevő technika igen bonyolult. Elég, ha csak a felfelé oldalra utalok, ahol a jelenetet, illetve annak azt a részét, amelyre a főkamera irányul, egyidejűleg sok kamerával veszik fel. Ezt a valódi térélményt nyújtó technikát a gyártási oldalon már alkalmazzák, és a még meglévő műszaki kérdések megoldását követően a közeli jövőben megjelenhet a sorozatgyártott tévékben is a szabad nézőpontválasztásos nézési lehetőség.

Mi lesz a digitális televíziózással?

A kérdés első hallásra furcsa, hiszen éppen arról volt szó korábban, hogy milyen jó, hogy áttérünk a digitális földfelszíni műsorszórásra. Ez igaz is, a kérdés az, hogy hosszabb távon ez marad-e az egyetlen, vagy domináns módja a tévéműsoroknak a nézőköz történő eljuttatásának. A kérdés azt sejteti, hogy nem, vagy nem biztos. Valóban, van egy nagyon határozott trend: a mobil szélessávú internet-hozzáférés előretörése. A mobilszolgáltatók már ma is jelentős letöltési és feltöltési sebességekkel kínálják internet-szolgáltatásaikat. Tipikus letöltési sebességek (sávszélességnek is szokás nevezni, lényeg, hogy bit/s-ban mérjük) a Magyar Telekom hálózatán 7,2 ... 60 Mbit/s, feltöltési sebességek 1,4... 22 Mbit/s. Persze attól függően, hogy milyen technológiájú mobilszolgáltatás érhető el

egy adott helyen. Magyarországon pl. a harmadik generációs – 3G – mobiltechnológia az ország nagy részén, a legújabb, negyedik generációs, LTE-nek is nevezhető pedig a nagyobb városok körzetében használható, ez utóbbi tud egyébként biztosítani több tíz Mbit/s letöltési sebességet. A mobil tehát tör előre, a nagy világcégek már az ötödik generációs rendszereiket fejlesztik. Mindennek eredményeképpen rohamosan növekszik a tévéműsorokat és egyéb multimédia tartalmakat mobilkészülükükön élvezők száma.

Érdekes módon a digitális műsorszórásra való áttérés a mobil szélessávú internetezés további térhódítását segíti. Miért? A digitális műsorszórásra való áttérésnél csak a felhasználói szempontokat említettem, de ezzel jól jár a frekvenciagazdálkodó hatóság is, mert jelentős sávszélesség szabadul fel, amelyet értékesíteni lehet. Ezek az aukciók még nem zajlottak le, várható, hogy a mobilszolgáltatók jelentős többlet-sávszélességhez juthatnak, és tovább bővíthetik szolgáltatásaikat. Ezzel még többen térnek át mobil szélessávú internetezésre és kérdés, hogy hosszabb távon mi lesz a földfelszíni műsorszórás jövője és szintűgy hogy az IPTV-vel mi fog történni. Mindenesetre egy ideig ezek a hozzáférési módok együtt fognak élni.

Mit hoz a jövő?

Cikkünk végéhez közeledve, a műszaki trendek mellett következzen néhány megjegyzés a társadalmi vonatkozásokról, amelyek minden felelősen gondolkodó embert, szülőt és tanárt foglalkoztatnak. Vácoljuk most fel a multimédia kommunikáció, az internet legfontosabb alkalmazásait, és mutassunk rá röviden azok hasznára és árnyoldalaira.

- Korábban elképzelhetetlen ismeretszerzési, tanulási, művelődési lehetőségek (Wikipedia).
- *Problémák, ha nem jól élünk ezekkel a lehetőségekkel (felszínes ismeretszerzés, ellenőrizetlen forrásokból, a Wikipedia helyes használata).*
- A szórakoztató tartalom (tévé, videók, könyvek) elérhetősége bárholonnan, bármilyen eszközzel.
- *A nyomtatott termékek olvasásának visszaszorulása.*
- *Igénytelenedés a mobilhasználat következtében.*

Itt jegyzendő meg, hogy a felmérések szerint a nyomtatott könyvek olvasásának csökkenését nem kompenzálta az e-book-olvasás – utóbbi ma is csak 1% körüli részarányú –, vagy bármilyen számítógépes olvasás, a könyvolvasás sajnos, összességében csökken, folyamatosan!

- Ingyenes audiovizuális kapcsolattartási lehetőségek (pl. Skype). Különösen fontosak manapság, amikor a fiatalabb generáció jó része hosszabb-rövidebb időre külföldre költözik, és az itthon maradt szülőkkel, nagyszülőkkel való kapcsolattartás gyakoribb, intenzívebb és gazdagabb lehet, mint bármikor. (Jelen szerző még emlékszik arra az időre, amikor még vezetékess telefonunk sem volt, és egy külföldi út alatt vagy teljesen megszakadt a kapcsolat, vagy hetente egyszer, előre egyeztetett időpontban, a szomszéd telefonján beszélünk pár percet a családdal.)
- *Hátrányról nemigen beszélhetünk.*

- Közösségi hálózatok: nagyszerű lehetőségek kollektív információszerezésre, a családon, baráti körön vagy az egészen tág közösségen belüli kommunikációra, multimédia tartalmak megosztására.

• *Küzdieni kellene a blogokban eluralkodott indulatos, sőt agresszív, szélsőséges, sokszor alpári stílus ellen, ami nagyon nehéz, mert sokan az internet szabadságát féltik bármilyen beavatkozástól.*

• *Nem szabad, hogy a virtuális találkozási terek kiváltsák a valódiakat, a neten folytatott barátkozások az élő találkozásokat.*

Rajtunk múlik, hogy kezelni tudjuk-e a problémákat, a potenciális veszélyeket, meg tudjuk-e védeni gyermekeinket az ártalmas tartalmaktól, a káros hatásoktól, megmaradnak-e és továbbra is fontosak lesznek számunkra a személyes találkozások, a közös programok, vagy megelégszünk a virtuális világgal. Nagyon nagy felelősség hárul az iskolákra és a pedagógusokra egyfelől, és a család felnőtt tagjaira másfelől, hiszen ha a gyermekkorban és a tinédzserkorban nem alakul ki megfelelő habitus, akkor későbbiekben a szülők már csak igen korlátozott mértékben tudják befolyásolni a felnőtté vált gyermekeik életmódját, szokásait. De legyünk optimisták, és mindenki tegyen meg minden tőle telhetőt, hogy a jelen cikkben vázolt nagyszerű technikáknak, vonzó új szolgáltatásoknak csak a hasznosságáról beszélhessünk, és minél kevesebbet az árnyoldalokról. ☆

Irodalom

- [1] L. Chiariglione and Cs. A. Szabo, "Multimedia Communications: Technologies, Services, Perspectives, Part I. Technologies and Delivery Systems." Infocommunications Journal, Vol. VI, No. 2, June 2014, pp. 27–48.
- [2] L. Chiariglione and Cs. A. Szabo, "Multimedia Communications: Technologies, Services, Perspectives, Part II. Applications, Services and Future Directions." Infocommunications Journal, Vol. VI, No. 3, September 2014, pp. 51–59.



Biztonságos kommunikáció kvantumalapú hálózatokban

Egy lassú folyamat

Pár évtizeddel ezelőtt a technika területén izgalmas folyamat indult el: az analóg rendszerekről fokozatosan átálltunk a digitális világra. Ennek következményeként az információt immáron egyre több helyen digitális jelekbe kódoljuk, és ez egyre inkább kihat a mindennapi életünkre. 2013-ban például hazánkban is a digitális műsorterjesztés lépett az analóg földfelszíni sugárzás helyére, és ennek megfelelő készülékeket vagy dekódereket kellett beszerezniünk. Ez egy hosszú technikai folyamat egyik jelentős állomása volt. A háttérben azonban jelenleg is zajlik egy másik, szintén lassú folyamat, amely egy napon ugyanúgy a mindennapunk része lehet, ahogyan az analógról a digitálisra történt átállás megjelent. Ez pedig nem más, mint a kvantummechanikai elveken alapú informatika, a kvantuminformatika.

A kvantummechanika úttörői a XX. század első felében megalkották azt a keretrendszert, amellyel le tudjuk írni a nagyon kis-méretű részecskék világát. *Niels Bohr* (1885–1962) dán fizikus alkalmazta elsőként a kvantumelméletet a hidrogénatom spektrumának magyarázatára, amiért 1922-ben Nobel-díjat kapott. 1927-ben fedezte fel *Werner Heisenberg* (1901–1976) a később róla elnevezett Heisenberg-féle határozatlansági relációt. A határozatlansági reláció azt mondja ki, hogy egymással kanonikusan konjugált mennyiségek, pl. egy részecske helye és impulzusa, nem mérhetők meg egyidejűleg teljes pontossággal. Felfedezését 1932-ben Nobel-díjjal jutalmazták, egy évvel később pedig *Erwin Schrödinger* (1887–1961) osztrák elméleti fizikus munkáját ismerték el Nobel-díjjal, akinek a nevéhez a kvantummechanika alapegyenletének – az ún. Schrödinger-egyenlet – megalkotása fűződik.

Felhasználva a kvantummechanikai keretrendszert, 1981-ben *Richard Feynman* amerikai fizikus már kvantum számítástechnikáról beszélt, 1985-ben pedig egy brit-izraeli fizikus, *David Deutsch* megalkotta az univerzális kvantumszámítógép fogalmát. A magyar szakkifejezéssel kvantuminformatikának nevezett területen azóta számos kutató dolgozik, s bár általános célú kvantumszámítógépet még nem sikerült építeni (a kanadai D-Wave cég által gyártott D-Wave Two nevű kvantumszámítógép is csak bizonyos célzott problémák megoldására alkalmas), az eddigi eredmények igen biztatóak [1]. A közeljövőben a kapcsolódó eszközök egyre inkább megjelenhetnek majd a tudományos és üzleti életben.

De mi is az a kvantumbit?

A kvantuminformatika alapvető információs egysége a kvantumbit (angolul quantum bit vagy qubit). A hagyományos (nézőpontunkból klasszikusnak nevezett) informatikában bitekről beszélünk, amelyek két lehetséges értéket vehetnek fel (0 és 1). A kvantumbit azonban a két alapállapot tetszőleges kombinációjában (szakszóval szuperpozíciójában) lehet, azaz végtelen sok állapotban létezhet [2].

Sokféle módon tudjuk illusztrálni a kvantumbitnek ezt a szuperpozícióját; a szerző egyik kedvenc példája az ételek világához

kapcsolódik. Napjaink rohanós ebédszünetében egyre többször fordul elő, hogy egy hagyományos többfogásos ebéd helyett valami egyszerűbb ételhez fordulunk, mint például a gyros vagy a pizza. Jobb pizzériák azonban kínálnak egy különleges kombinációt, amelyet gyrosos pizzának neveznek. Bár a szakácsok ezzel biztosan nem értenek egyet, és a receptje is némileg mást tükröz, de egy absztrakt módú megközelítésben mi más lenne ez, mint egy olyan étel, ami egyszerre gyros, illetve pizza is. Ha sok húst szórtak rá, akkor inkább gyros, mintsem pizza, ha pedig spóroltak a feltéttel, akkor inkább pizza, mintsem gyros. Valami hasonló a kvantumbit is, amely egyszerre található meg a két bázisállapot valamilyen szuperpozíciójában. A kvantumbitnek azonban van még egy érdekessége: amikor ránézünk, és egy méréssel kiolvassuk az értéket, a kvantumbit megszűnik szuperpozícióban lenni, és a két alapállapot valamelyikét veszi fel. Mintha egy lezárt pizzásdoboz lenne előttünk, aminek az illatáról érezzük, hogy gyrosos pizza van benne, de amikor éhesen felnyitjuk a dobozt, vagy egy teljesen hagyományos gyrost, vagy egy teljesen normális – feltét nélküli – pizzát találunk benne.

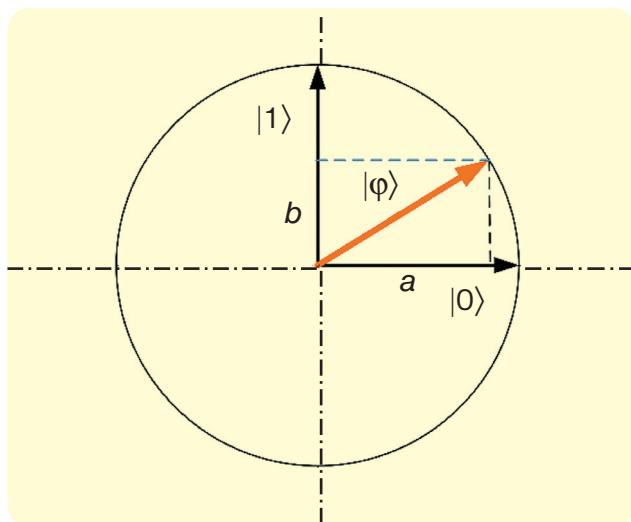
De mielőtt bárki azt hinné, hogy a kvantuminformaticusok elhízott szakemberek, akik pizzásdobozokba csomagolt gyrost fogyasztanak, definiáljuk a kvantumbitet szakszerű módon is. Egy kvantumbit a bázisállapotaival és komplex valószínűségi amplitúdóival adunk meg, az alábbi módon:

$$|\varphi\rangle = a|0\rangle + b|1\rangle,$$

ahol az a és b olyan komplex számok, amelyek abszolútérték-négyzete egyet ad. Az a és b valószínűségi amplitúdó abszolútértékének négyzete azt mutatja meg, mekkora valószínűséggel kapunk 0-t illetve 1-et, ha kiolvassuk a $|\varphi\rangle = 0,8|0\rangle + 0,6|1\rangle$ kvantumbit értékét (szakszóval mérést hajtunk végre). Például a kvantumbitet megmérve 0,64 valószínűséggel 0-át kapunk a mérés végén, 0,36 valószínűséggel pedig 1-et. Mivel egységnyi hosszú vektorokról beszélünk, a legegyszerűbb egy Descartes-féle koordináta-rendszerben körként elképzelni a kvantumbitet, a körvonal tetszőleges pontja lehet a bitünk értéke, a két tengely pedig a két bázisállapot, ahogy az **1. ábrán** is látható. (Ez a kétdimenziós kvantumbit, de tudjuk definiálni magasabb dimenziókra is.) Még nagyon sok más módon ábrázolhatjuk a kvantumbitet, egy fiatal műegyetemi fizikushallgató, *Galambos Máté* egy fraktál alapú kvantumbit-reprezentációval ért el első helyezést a 2013-as Országos Tudományos Diákköri Konferencián.

A gyakorlati megvalósítást tekintve, a kvantumbit lehet bármilyen két jól megkülönböztethető állapottal rendelkező kvantumrendszer (pl. elektron töltése, elektron spinállapotai, atomi hiperfinom állapotok stb.). A kommunikációban lézert használunk, így a foton különböző polarizációs állapotait (tipikusan vízszintes, illetve függőleges) feleltetjük meg a bázisállapotoknak.

Kvantumbiten kívül azonban még szükségünk van egyéb eszközökre is, hogy kvantum alapú kommunikációról beszéljünk. Ebben nyújt segítséget a kvantummechanika négy posztulátuma. Az első a rendszer állapotát írja le, a második az időbeli fejlődésre



1. ábra. Egy kétdimenziós kvantumbit reprezentációja. A narancssárga vektor jelöli a kvantumbit, míg a vízszintes és függőleges vektorok az alapállapotokat reprezentálják

vonatkozik, és abban segít, hogy a teljes rendszer viselkedését zárt transzformációkkal tudjuk leírni. A harmadik a mérésre vonatkozik, és definiálja a kapcsolatot a kvantumvilág és a klasszikus világ között, a negyedik pedig az összetett rendszerekre vonatkozik [3]. A posztulátumokról és különböző egyéb érdekes jelenségekről részletesen a Természet Világa 2013. januári számában Bacsórdi–Imre szerzőpárostól megjelent *Kommunikáció mélyben és magasban* című cikkben lehet olvasni [4].

Kvantum alapú átvitel, dióhéjban

Bármennyire is varázslatosnak hangzik a kvantum alapú kommunikáció világa, a célunk itt is ugyanaz, mint a hagyományos informatikában: információt átvinni a küldőtől a fogadóig. Azért, hogy ne A és B betűként kelljen a két kommunikáló félre hivatkozni, keresztnévvel ruháztuk fel őket, így lettek Aliz és Bob. Amíg hagyományos informatikában egy klasszikus információelmélettel leírható közvetítő közeget használunk, addig kvantum alapú kommunikáció esetében kvantumcsatornát. Egy lehetséges megoldást szemléltet a 2. ábra. Az A_i jelölésű klasszikus információt $|\varphi_i\rangle$ kvantum állapotba kódolunk egy klasszikus-quantum konverziót megvalósító A' transzformáció által, amely transzformálja a klasszikus 0 vagy 1 bitet a $|0\rangle$ vagy $|1\rangle$ alapállapot valamelyikébe. Ez

után ezt a kezdeti kvantumbit egy következő művelet – az ábrán C -vel jelölt transzformáció – tovább alakítja egy $|\varphi_A\rangle$ állapotba. Ezeket a kvantumállapotokat küldjük át Bobnak egy a kvantumcsatornán. Ideális világban az átvitel tökéletes (hibamentes) lenne, de a valóságban a csatorna különböző hibákat eredményez a kvantumbitekben. A lehetséges csatornahiba miatt Bob a $|\varphi_B\rangle$ állapotot kapja meg. A dekódolási fázisban Bobnak végre kell hajtania valamilyen hibajavítást (D transzformáció), majd elvégezve egy kvantum-klasszikus átalakítást (szakszóval mérést) visszatérünk a klasszikus világba. A mérés eredménye a B_i klasszikus információ, amely – ha mindent jól csináltunk – meg fog egyezni a kezdeti A_i értékkel.

Teleportáció, tömörítés

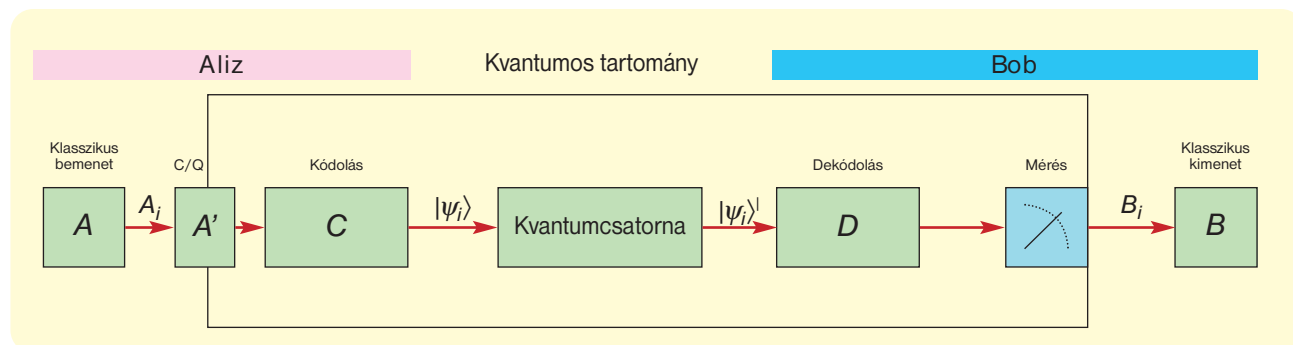
Kvantum alapú hálózatok működési módjait – a kommunikáció szempontjából – alapvetően három csoportba oszthatjuk:

1. *Kvantuminformáció átvitele*: Van egy kvantuminformációnk, amelyet szeretnénk eljuttatni egyik pontból a másikba, és ott további műveleteket végrehajtani rajta. Az átvitelhez kvantumcsatornát és/vagy klasszikus csatornát használunk. Erre jó példa a teleportálás.
2. *Klasszikus információ átvitele, kvantumcsatornán*: Van egy klasszikus információnk, amelyet szeretnénk átvinni két pont között, és ehhez kvantumbiteket használunk fel. Ilyen a szuperűri tömörítés.
3. *Klasszikus kommunikáció, kvantum biztonság*: Alapvetően klasszikusan kommunikálunk, de szeretnénk, ha ez biztonságos lenne, ezért titkosítjuk a kommunikációkat. A titkosításhoz szükséges kulcsokat kvantuminformatikai eljárások segítségével, kvantumcsatornán osztjuk meg a kommunikáló felek között. A kvantum alapú kulcsszétosztó eljárások alapvetően ebbe a csoportba tartoznak.

A kvantumteleportáció elméletét 1993-ban publikálták, és a publikáció címe nagyon jól összefoglalja, miről is szól ez a kommunikációs protokoll: „*Teleporting an unknown quantum state via dual classical and Einstein-Podolsky-Rosen channels*” (Ismeretlen kvantumállapot teleportálása két klasszikus és egy összefonódott csatornán keresztül).

Aliz előállít egy olyan kvantumbit, amelyet nagyon szívesen megosztana Bobbal. Anélkül, hogy megismerné a nála lévő kvantumbit értékét, képes arra, hogy két klasszikus információ elküldésével átjuttassa Bobhoz. Ahhoz, hogy ezt megtehesse, még a kvantumbit előállítás előtt találkozik Bobbal, és megosztottnak egy speciális kvantumbit-páron, amelyet összefonódott párnak nevezünk.

2. ábra. Klasszikus információ átvitele egy kvantumcsatornán. A küldő (Aliz) kvantumbitbe kódolt klasszikus információt küld kvantumcsatornán a fogadónak (Bob)



Az összefonódás jelensége még *Einstein* is megdöbbentette, mert az összefonódott pár tagjai meghatározott módon viselkednek, még akkor is, ha azokat nagyon nagy távolságra visszük egymástól. Ha fogjuk a legegyszerűbb összefonódott párt, amelyet Bell-párnak is nevezünk, és megmérjük a pár egyik tagját, akkor, ha 0 értéket kaptunk, biztosak lehetünk abban, hogy a pár másik tagja is 0 értéket vett fel. Ha azonban 1 lesz a mérés eredménye, akkor a pár másik tagja is 1 értéket vesz fel. Ha a pár két tagját nagyon messze visszük egymástól, az egyiket mondjuk a Földön hagyjuk, a másikat pedig elvisszük a 67P/Csurjumov–Geraszimenko üstököshöz, ahova nem olyan régen leszállt a Philae leszállóegység, akkor is ugyanígy viselkednek – maga a jelenség a fénysebességnél gyorsabban megtörténik. Fénysebességnél gyorsabb kommunikációról azonban nem beszélhetünk, mert a mérés teljesen véletlenszerű: 50% eséllyel kapunk 0 értéket, 50% eséllyel pedig egyet, így információt nem tudunk vele továbbítani.

Aliz és Bob tehát a teleportálás megkezdése előtt megosztotak egy összefonódott páron. Aliz előállítja azt a kvantumbitét, amit Bobnak szeretne eljuttatni, végrehajt pár műveletet az előállított kvantumbitén és az összefonódott pár nála lévő felén. Majd végrehajt két mérést, megsemmisítve a méréssel mind az általa előállított kvantumbitét, mind az összefonódott pár nála lévő tagját. A mérés eredményeként kap két klasszikus információt (két darab 0 vagy 1 érték), amelyet átküld Bobnak. Bob ezután végrehajt néhány transzformációt az összefonódott pár nála lévő felén, amely ezek hatására átváltozik azzá a kvantumbitté, amit Aliz át szeretett volna küldeni Bobnak. Így a teleportálandó kvantumbit Aliz oldalán ugyan megsemmisül, de néhány másodperccel később megjelenik Bobnál. A teleportálás jelenségét 1997-ben kísérletileg is igazolták, a jelenlegi távolsági rekordot pedig osztrák kutatók tartják a 2012-ben felállított 143 kilométeres távolsággal (3. ábra).

A szupersűrű tömörítés (angolul *superdense coding*) a második csoportra egy jó példa. A protokoll során klasszikus információt szeretnénk átvenni kvantumcsatorna használatával. Aliz és Bob jó előre megosztotik sok-sok összefonódott páron, majd egy kvantumcsatornán kvantumbiteket küldenek egymásnak. Egy kvantumbit átküldésével azonban képesek lesznek egyszerre két klasszikus bitet eljuttatni – innen a szupersűrűségű elnevezés.

Másolási problémák

Korábban már említettem, hogy a mérést elvégezve a kvantumbit megsemmisül. Ez azt jelenti, hogy ha van egy ismeretlen állapotú kvantumbitünk, akkor mi annak a kvantumoss értékét nem tudjuk megismerni, hiszen a mérés után csak 0 vagy 1 értéket kapunk vissza. A mérést pedig ismételtelen nem tudjuk elvégezni, hiszen nincs már meg a kvantumbitünk. Ha van olyan berendezésünk, ami legyártotta a kvantumbitét, akkor elő tudunk állítani egymillió ugyanolyan darabot, meg tudjuk mérni mind az egymilliót, és az így kapott statisztikából már tudunk valamilyen szinten következtetni arra, hogy mi lehetett az eredeti kvantumbit. A fogalmazás azért ilyen óvatos, mert a mérés során a komplex valószínűségű amplitúdó abszolútérték négyzetét kapjuk vissza, amiből mind az előjelek, mind a komplex értékek már eltűntek, így a mérési statisztikánk eredményeként még mindig végtelen hosszú listából kell találgatnunk.

Kvantumbit újragyártása helyett jobb megoldásnak tűnne, ha lemásolnánk a kvantumbitét a mérés előtt sok-sok példányban, és a másolatokon végeznénk el a méréseket. Sajnos azonban ezt a kvantummechanika nem teszi számunkra lehetővé. A *Nincs másolás tétel* értelmében ismeretlen állapotú kvantumbitről nem készíthető másolat. A tételbizonyításban jártas olvasók számára érdekes lehet, hogy a kapcsolódó bizonyítás indirekt úton történik, azaz abból a feltételezésből indulunk ki, hogy létezik egy univer-



3. ábra. Lézerjel az Európai Űrügynökség (ESA) optikai földi állomásán Tenerife szigetén. La Palma és Tenerife között 143 kilométeres távolságban sikerült teleportációt megvalósítaniuk osztrák kutatóknak (Forrás: ESA)

zális másológép, de a bizonyítás során sajnos pár lépés után igen jelentős ellentmondásba kerülünk a kiindulási feltételekkel. Fontos hangsúlyozni, hogy a kijelentés ismeretlen állapotú kvantumbitekre vonatkozik. Ha ismerjük a kvantumbitét – például tudjuk, hogy a 0 bázisállapotról van szó –, akkor gond nélkül le tudjuk másolni. Ha azonban nem ismerjük a kvantumbitünket, sem mi, se senki más nem tud róla másolatot készíteni – s ez több szempontból is egy nagyon fontos tulajdonság [5].

Kvantum jelismétlők

A távközlésben használt optikai szálakon fényjelekkel kommunikálunk, nagy átviteli sebességet elérve akár országon belül, akár kontinensek között. Az optikai szálban haladó jel azonban csillapítást szenved, és nagyságrendileg 100 km megtétele után a jel annyira gyengül, hogy már alig tudjuk észlelni. Azért, hogy a jel elvesztését megakadályozzuk, erősítőket használunk: az erősítő egyik oldalán beérkezik a gyengült jel, a másik oldalán pedig újra egy erős jel indul tovább, hogy később egy újabb erősítőbe érkezzen. A kvantum alapú kommunikáció fotonokon alapul, így itt is lézerpulzusokkal dolgozunk, azonban van egy jelentős különbség: nem tudunk erősítést végrehajtani. Az erősítés ugyanis nem más, mint egy másolás – ismeretlen állapotot pedig nem tudunk másolni. Az erősítőre megérkező kvantumjellet nem érdemes megmérni sem, hiszen az így visszkapott 0 vagy 1 értékből nem tudunk következtetni arra, mi volt az eredeti kvantumbit. A kvantum jelerősítő (angol szakszóval *quantum repeater*) jelenleg a kvantum-informatikai kutatások egyik Szent Grálja. Tudjuk, hogy tökéletes erősítő nem lehet építeni, de már az segítség lenne, ha ismeretlen állapotok halmazát tartalmazó jeleket tudnánk erősíteni, lehetővé téve ezáltal a nagytávolságú, többpontos kvantumátvitelt.

Kvantum alapú kulcsszétosztás

Vannak olyan területek, ahol előny, hogy nem tudunk másolni. A kvantum alapú kulcsszétosztó eljárások (angol szakkifejezéssel *quantum key distribution*, QKD) során ezt tulajdonságot ugyanis a biztonságos kommunikáció érdekében nagyon jól ki tudjuk használni. Ahhoz, hogy biztonságosan tudjunk adatot küldeni két fél között, titkosításra van szükség. A napjainkban használt titkosítási megoldások két nagy csoportba oszthatóak: az egyik során ugyanazt a kulcsot használjuk a kódoláshoz mint a dekódoláshoz. A másik során pedig a kódoláshoz során használt kulcsnak van egy pár-

ja, amivel dekódolni tudjuk az üzenetet. Előbbit szimmetrikus, utóbbit pedig aszimmetrikus kulcsú titkosításnak nevezzük. Ennek egy nagyon jó példája a nyilvános kulcsú titkosítás, amelyben egy nyilvánosan, bárki számára elérhető kulccsal lehet kódolni az üzenetet, de visszafejteni csak az üzenet címzettje tudja, aki rendelkezik a nyilvános kulcshoz tartozó úgynevezett titkos kulccsal. Jelenleg ezt használjuk nagyon sok helyen az internet világában, ezen alapul például a https protokoll – amikor a biztonságos böngészés jegyében egy lakat jelenik meg a böngészőnkben. A háttérben egy olyan matematikai elmélet áll, amely prímszámokról és prímtényezőzés felbontásról szól. Erről azonban sajnos tudjuk, hogy törhető, azaz egy támadó rájöhet a dekódoláshoz szükséges kulcsra. De ha elegendően nagy kulcsot választunk (amely sok-sok bitből áll), akkor ez a támadási folyamat viszonylag időigényes, napokig, hónapokig is eltarthat. Ha megépül az első univerzális kvantumszámítógép, akkor azonban ez a titkosítás nagyon gyorsan törhetővé válik: az 1994-ben *Peter Shor* által publikált Shor-algoritmus használatával a törési idő hónapokról másodpercekre csökken. Az elméleti algoritmusok gyakorlati megvalósítása (a kapcsolódó berendezések építésének nehézsége miatt) azonban lassan halad, a Shor-algoritmussal 2001-ben a 15-ös számot sikerült prímtényezőkre bontani, és csak 2012-ben tudtak kicsivel előrébb lépni, a 21-es szám felbontásával. Még ugyanebben az évben azonban egy másik algoritmus használatával kínai kutatóknak sikerült a 143-at prímtényezőkre bontaniuk. Sőt, 2014 végén egy angol–japán szerzőpáros azt bizonyította be, hogy a kínai kísérletben igazából az 56 153-as szám prímtényezőzés felbontása is előállt.

Ugyanakkor a szimmetrikus kulcsú titkosítók családjában vannak olyan algoritmusok, amelyek matematikailag bizonyított biztonságot és lehallgatatlaniságot nyújtanak. A kritikus kérdés csupán az, hogyan osztoznak meg a kommunikáló felek a titkosításhoz használt kulcson – hiszen mind a kódoláshoz, mind a dekódoláshoz ugyanazt a kulcsot kell használniuk. Erre egy jó megoldás, ha egy megbízható futárt használnak, de igen lassú dolog mindenhol mindig embert küldeni. A kvantum alapú kulcsszétosztás pont erre a kulcsátvitelre kínál hatékony és biztonságos megoldást. Mivel ismeretlen állapotú kvantumbitek nem tudunk másolni, ezért a támadónak nincsen arra lehetősége, hogy lemásolja Aliz és Bob között áramló információt (nem lehetséges a passzív támadás), hanem aktívan közbe kell lépnie. A kulcsszétosztó protokollok azonban úgy működnek, hogy egy támadó aktív megjelenése elrontja a kommunikációt, zajt visz a kvantumcsatornába. Aliz és Bob pedig értesül arról, hogy a megszokottnál zajosabb lett a csatorna, így tudomást szereznek a támadó jelenlétéről.

Az első generációs QKD protokollok egyfoton forrásokon alapulnak, azaz egyszerre egy fotont küld Aliz Bobnak, és ebbe az egy fotonba kódolja be a kulcs előállításához szükséges információt. Azonban egyetlen egy foton előállítását mérnöki szinten megvalósítható feladat, a detektálása pedig még nehezebb, ezért az elmúlt években megjelentek a második generációs kulcsszétosztó eljárások. Ezek során gyengített lézerekkel olyan fotoncsomagokat küldenek, amelyek néhány tíz (maximum pár száz) fotont tartalmaznak, a vevőoldalon pedig egy speciális mérést végeznek el. Az eljárások mögött lévő matematikai elméletek azt mutatják, hogy ha egy lehallgató megpróbál megszerezni néhány fotont a fotoncsomagból, akkor abból semmilyen információra nem tud következtetni az előállított kulccsal kapcsolatban. Ha pedig néhány tíz fotont rabol egy támadó, az akkora zajt visz a rendszerbe, hogy észlelni fogják, és leállítják a kulcsátvitelt.

Hazai vonalon

Magyarországon több helyen is foglalkoznak kvantuminformatikához kapcsolódó matematikai, fizikai és mérnöki kutatással, többek között az MTA Wigner Fizikai Kutatóközpontban, a Szegedi Tudományegyetemen, a Pécsi Tudományegyetemen, a Nyugat-

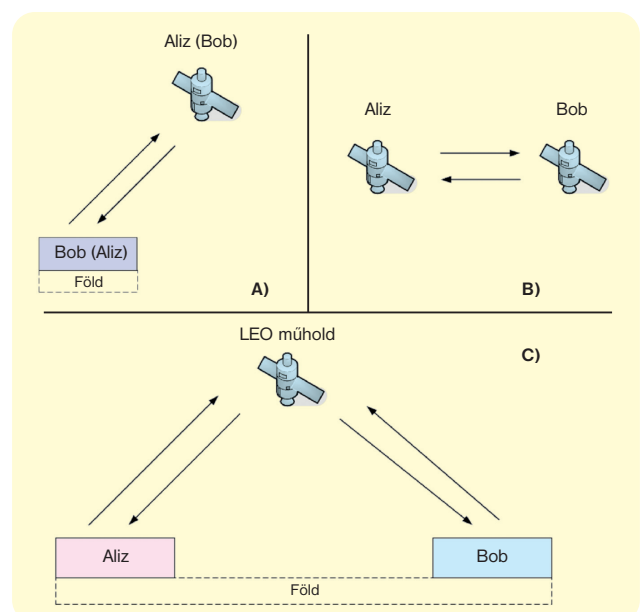
magyarországi Egyetemen és a Műegyetemen. Utóbbin a Természettudományi Karon a kvantumszámítógép fizikai leírásával, valamint kvantumoptikai kutatásokkal, a Villamosmérnöki és Informatikai Karon pedig Számítástudományi és Információelméleti Tanszéken kvantumalgoritmusokkal foglalkoznak. A kommunikáció terén a BME Hálózati Rendszerek és Szolgáltatások Tanszékén működő Mobil Kommunikáció és Kvantumtechnológiák Laboratórium munkatársai folytatnak kutatást kvantumcsatorna szuperaktiválása, kvantum-ismétlők, pilot kvantumbit alapú csatornakódolás, kvantumhálózat tervezése, kvantum alapú kulcsszétosztás területén. A BME és a Nyugat-magyarországi Egyetem kutatói műholdas kommunikáció modellezésével és szimulációjával is foglalkoznak. Az ipari területet tekintve egy hazai támogatású pályázatban egy balatonfüredi cég vezetésével, hazai kutatók részvételével épül az első magyar kvantum alapú kulcsszétosztó berendezés, amely egy hagyományos, a mindennapi távközlésben is használt optikai szálon valósítja meg a titkosításhoz szükséges kulcsok biztonságos és lehallgathatatlan cseréjét.

A műholdas világ kérdései

Az első kvantum alapú kulcsszétosztó protokollt, a BB84-et 1984-ben publikálták, és pár évvel később kísérletileg is igazolták a működését. Optikai szálon azonban nem tudunk erősítést végrehajtani, így a kutatók érdeklődése elég korán a szabadlégköri csatornák felé fordult. Az első szabadtéri kvantum alapú kulcsszétosztást 1991-ben hajtották végre 30 centiméteres távon, 2006-ban pedig egy nemzetközi kutatócsoport a Kanári-szigeteken 144 kilométeres távon demonstrálta a szabadtéri kulcsátvitel megvalósíthatóságát. Az újabb és újabb sikeres demonstrációk mind azt mutatják, képesek leszünk ezt a technikát akár műhold-műhold, akár Föld-űr kommunikációban alkalmazni. Nem véletlen, hogy mind a NASA, mind az Európai Űrügynökség (ESA) a következő évek egyik fontos feladatának jelölte meg a kvantum alapú űrkommunikáció megvalósítását.

Amikor műholdas kvantumkommunikációról beszélünk, akkor általában három különböző megoldásra gondolunk, ahogy a **4. ábra**

4. ábra. Három lehetőség a műholdas kvantum alapú kommunikációra. A: földi állomás és egy műhold között. B, két műhold között, C: két földi állomás között, egy (vagy több) műholdon keresztül



is szemlélteti. Történhet egy földi állomás és egy műhold között, vagy két műhold között, vagy két földi állomás között egy (vagy több) műholdon keresztül [6].

Az Országos Tudományos Kutatási Alapprogramok (OTKA) támogatásával a 2015–2017 közötti időszakban jelen cikk szerzője a Nyugat-magyarországi Egyetemen zajló kutatásában a kvantum alapú műholdas kommunikáció megoldatlan kérdéseire fókuszál. A hároméves kutatási projekt az alábbi területeket érinti: kvantum alapú műholdas kommunikáció számára fontos csatornák modellezése; egy komplex hálózati modell készítése, amely lehetővé teszi a globális kulcsszétosztást műholdakon keresztül; klasszikus és kvantum alapú hibajavítás a globális kulcseszerelési eljárásban.

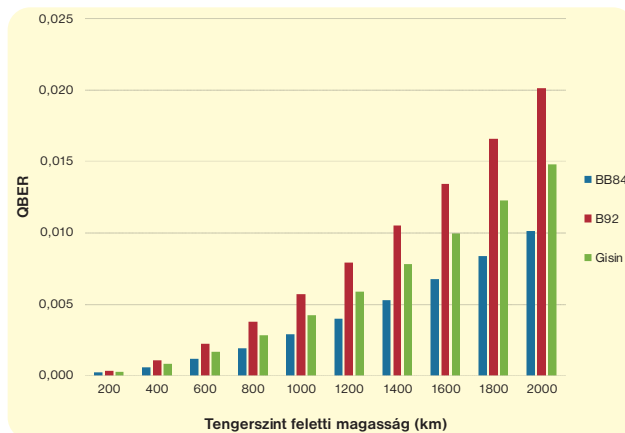
Megközelítésünkben a kommunikáló felek klasszikus információt szeretnének kicserélni egymással, ehhez szimmetrikus kulcsú kódolási eljárásokat használnak, a szükséges kulcseszerét pedig kvantum alapon hajtják végre. Ilyen jellegű komplex hálózat vizsgálatával korábban nem foglalkoztak. Az elmúlt évek során matematikai modellünk segítségével elkezdjük megvizsgálni a kvantumalapú műholdas kommunikáció gyakorlati megvalósításának bizonyos paramétereit. Az előzetes kutatási eredményeket felhasználva szeretnénk megvizsgálni, milyen kvantuminformatikai kódolási eljárásokat tudunk alkalmazni a Föld-műhold, műhold-Föld, Föld-Föld kommunikációban.

A kutatásban olyan szimulációs vizsgálatokat végzünk, amelyek a gyakorlati kvantum alapú megoldások megvalósíthatóságának korlátjait vizsgálják (pontosan milyen kommunikációs költségekkel jár a kvantum-kulcseszerén alapú kommunikáció, hogyan változik a teljes rendszer hibázása különböző fizikai paraméterek függvényében – különös tekintettel a műhold pályamagasságára valamint a műhold és a földi állomás látószögére). Komplex modellünk a Föld-műhold, műhold-műhold és műhold-föld irányokat is tartalmazni fogja, és ezáltal lehetővé válik a műholdas QKD klasszikus és kvantum-folyamatainak modellezése. A rendszer modelljét a QKD protokollok mellett kiterjesztjük további kvantum alapú protokollok vizsgálatára és elemzésére (pl. kvantum hibajavító kódolás).

A 2015-ben kezdődött kutatás eredménye olyan vizsgálati modell lesz, amely lehetővé teszi műholdas kommunikációs folyamatok szimulálását klasszikus és kvantum alapú eljárások felhasználásával (pl. klasszikus hibajavítás, kvantum alapú kulcsszétosztás stb.). A kutatási időszak végére olyan elemzések és vizsgálatok állnak majd rendelkezésre a kvantum alapú műholdas kommunikáció gyakorlati megvalósíthatóságával kapcsolatban, amelyek felhasználhatóak a hazai és a nemzetközi űripár számára.

Műholdak közelében

A szabadtéri kvantumcsatorna működését rengeteg paraméter befolyásolja. Műhold-műhold közötti kapcsolat esetében az egyfoton források teljesítőképessége és a detektorok véges mérete mellett a diffrakció miatti fókuszálási hibák eredményeznek zajt. Műhold-Föld, illetve Föld-műhold csatorna esetén pedig a légkör gázai, valamint a pára és a por is veszteséget generálnak. A légkör alsó rétegeiben megjelennek az optikai turbulenciák is, amelyek szintén jelentős veszteséget okoznak. Ráadásul egy kommunikáció esetében figyelembe kell venni mind a kulcsszétosztásra, mind a később használt kommunikációs protokollokat, amelyek eltérő módon működnek. Mindenesetre, az eddigi előzetes eredményeink biztatóak, és azt mutatják, egyfoton forrásokat feltételezve megvalósítható a kvantum alapú kulcsszétosztás űrbeli környezetben. Az **5. ábrán** három kvantum alapú kulcsszétosztó protokoll alkalmazását vizsgáltuk, kékkkel a BB84, pirossal a B92, zölddel a Gisin-protokollt jelöltük. A zaj mértékét a kvantumcsatornán a kvantum-bithibaarányal mérjük (angolul *quantum bit error rate*, innen származik a QBER rövidítés). Minél kisebb a QBER értéke,



5. ábra. Különböző QKD protokollok kvantum-bithibaarány értékei a műhold pályamagassága függvényében

annál kevesebb hiba történik a kommunikáció során [7]. Vízszintes tengelyen a Föld körül keringő műholdak pályamagassága, függőleges tengelyen pedig a zaj látható.

A következő évek elé

2008-ban Ausztriában a gyakorlatban is demonstrálták egy kvantum alapú kulcsszétosztó hálózat működését, összekötve a Siemens cég négy bécsi és St. Pölten-i központját. 2012 végén pedig egy kínai és egy osztrák kutatócsoport meglepetésként annak a lehetőségét, hogy együtt fognak dolgozni egy Bécs és Peking közötti, műhold alapú kvantumkulcseszer megvalósításán. A kanadai D-Wave cég eddig két kvantumszámítógépet gyártott: 2011-ben a D-Wave One az amerikai Lockheed Martin céghez, míg 2013-ban a D-Wave Two gép a Google és a NASA által közösen felállított kutatóközpontba került. Amerikai, ausztrál és svájci cég mellett egy francia cég is belépett a vezetékes kvantum alapú kulcsszétosztó berendezéseket kínáló gyártók sorába, és hamarosan Magyarországon is megépül az első kvantummechanikai elveken működő, második generációs kulcsszétosztó berendezés. Ugyan a kvantum alapú hálózatok a közeljövőben nem lesznek még a mindennapjaink része, de a háttérben zajló folyamatok egyre látványosabbak.

A szerző köszönetet mond Imre Sándornak a cikk elkészítéséhez nyújtott segítségért.

A szerző kutatását az OTKA PD112529 pályázat támogatta.

Irodalom

- [1] L. Hanzo, H. Haas, S. Imre, D. O'Brien, M. Rupp, L. Gyongyosi: „Wireless Myths, Realities, and Futures: From 3G/4G to Optical and Quantum Wireless”, Proceedings of the IEEE, Volume: 100, Issue: Special Centennial Issue, pp. 1853–1888.
- [2] M. A. Nielsen, I. L. Chuang, „Quantum Computation and Quantum Information”, Cambridge University Press, 2000.
- [3] S. Imre, B. Ferenc: „Quantum Computing and Communications: An Engineering Approach”, Wiley, 2005.
- [4] Bacsárdi László, Imre Sándor, „Kommunikáció mélyben és magasban”, Természet Világa, 2013. január.
- [5] Bacsárdi László, Galambos Máté, Imre Sándor, „Kvantumalapú algoritmusok”, Informatikai Algoritmusok 3., Vác: MondAt Kiadó, 2013, pp. 1785–1827.
- [6] L. Bacsárdi, „Efficient Quantum Based Space Communications”, Lambert Academic Publishing, 2013.
- [7] L. Bacsárdi, A. Kiss, „Overview of a Space Based Quantum Key Distribution Network”, In: Proc. 65th International Astronautical Congress, Toronto, Canada, 2014.

GÓDOR GYŐZŐ

Szenzorhálózatok a mindennapi életben

Miért érdekesek a szenzorok?

A technika rohamos fejlődése következtében az elektronika világában mindinkább az a tendencia, hogy az eszközök mérete egyre kisebb lesz, ezáltal ugyanazon helyen több integrált áramkör és passzív elem fér el. Ha csak a mobil készülékeket nézzük, itt is megfigyelhető ugyanez. Kezdetben a mobilok hatalmas méretűek voltak, csak telefonálásra lehetett őket használni, majd az újabb és újabb eszközök mérete csökkent, miközben tudásuk és funkcióik ezzel fordított arányban növekedtek. Napjainkban a legmodernebb okostelefonok mérete ugyan ismét elkezdett növekedni, de ez inkább annak köszönhető, hogy a telefon mindennapi életünk szerves részévé vált, így már nem elég szűnik meg azzal, hogy telefonálunk, internetezünk, vagy éppen játszunk rajta, a környezetünk monitorozására, akár saját testünk paramétereinek vizsgálatára is fel szeretnénk használni. Erre szolgálnak a telefonba beépített különféle szenzorok, például fényérzékelő, hőmérséklet- és páraérzékelő, giroszkóp, vagy éppen egy pulzusérzékelő. Nem csak a mobil készülékek tartalmaznak ilyeneket, speciális célra fejlesztett szenzoroktól egészen az univerzális eszközökig találkozhatunk velük mindennapi életünkben.

Ha csak egy otthoni háztartást veszünk alapul, ott is számos esetben találkozhatunk a szenzorokkal. Nem is sejtjenénk, mennyivel... Vegyük csak a legegyszerűbb példát, egy hőmérsékletszabályzó berendezést. Ha szeretnénk a szobánk hőmérsékletét adott hőfokra beállítani, a termosztáton beállítjuk a kívánt hőfokot, majd az eszközbe épített hőmérsékletérzékelő szenzor segítségével a rendszer méri, hogy a szoba levegőjének hőmérséklete alacsonyabb-e, mint a kívánt hőfok. Ha igen, bekapcsolja a kazánt, mely addig fűt, míg a szenzor nem érzékeli, hogy a szoba hőmérséklete elérte a beállított értéket. Egy másik hétköznapi példa lehet a mozgásérzékelő, vagy a szén-dioxid-érzékelő berendezés, hőmérő, lázmérő stb. Természetesen, ha nem csupán a lakásban használt eszközök között nézünk szét, még több olyan használati tárgyat tudunk felsorolni, mely valamilyen szenzort tartalmaz. Ilyen a digitális fényképezőgép, mely

fényérzékelő szenzorok segítségével készíti el a képet, vagy például a kapunyitó, autóriasztó stb. A listát még hosszasan lehetne folytatni. Látható, hogy a szenzorok, még ha nem is tudunk róla, életünk szerves részét képezik. De vajon tudjuk-e, mik is ezek a szenzorok, hogyan is épülnek fel, illetve hogyan működnek?

Mik azok a szenzorok?

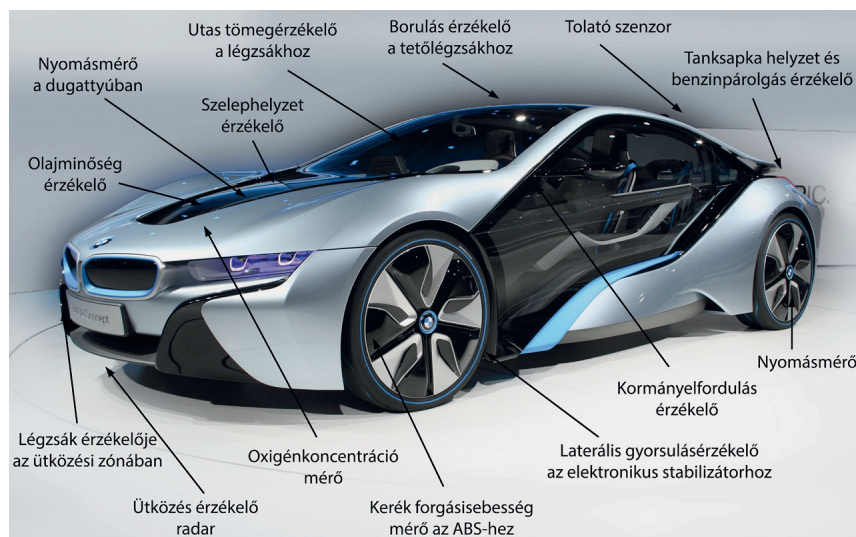
A szenzorok felhasználási területe igen széles skálán mozog. A felsorolt példák tipikusan otthoni környezetet feltételeznek, ami valójában a lehetséges felhasználás csupán kis hányadát teszi ki. Ipari alkalmazások terén a szenzorok alkalmazásának több évtizedes múltja van, és napjainkban is ez az egyik leggyorsabban fejlődő terület. Leggyakrabban irányítástechnikai és automatizált folyamatok esetén használják, aminek elengedhetetlen feltétele a jól működő érzékelő. Ezt az emberi érzékelés kiváltására használhatjuk, mivel nagy pontossággal képes észlelni a kívánt mennyiségeket, majd ezt követően egy megfelelő beavatkozó közbeiktatásával a folyamatok automatikusan vezérelhetők. A mindennapi élet-

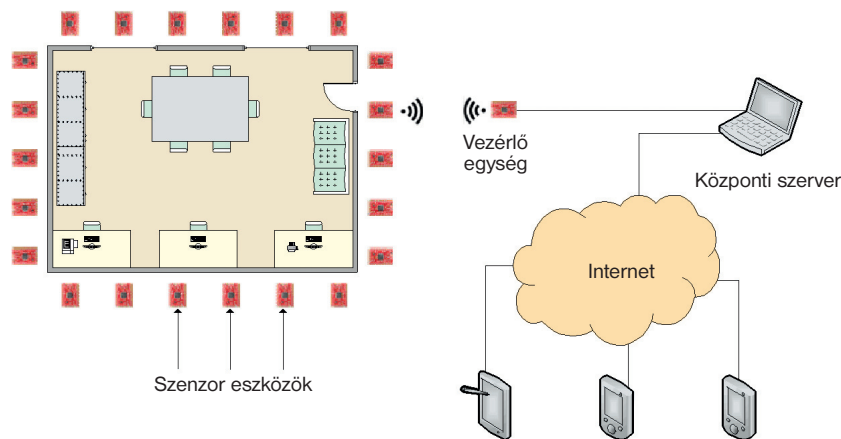
ben leginkább az autóipar kapcsán hallhatunk a különféle érzékelők alkalmazásáról, ahol nem csak a gyártás folyamatára terjed ki a felhasználásuk; sokkal inkább az újabbnál újabb autókba épített megoldások a figyelemfelkeltők: tolatóradar, ütközés érzékelő, nyomásérzékelő, oxigénkoncentráció-mérő, kerék forgássebesség-mérő stb.

Ezen az autós példán (1. ábra) jól látható, hogy a szenzorokat különféle csoportokra lehet osztani, felhasználási területüktől függően. A csoportosítást többféle módon is megtehetjük. Lehetséges a felhasznált mérési elv alapján, illetve a mért fizikai, kémiai vagy biológiai mennyiségek alapján is. Az első esetben beszélhetünk például ellenállásváltozáson, kapacitásváltozáson vagy piezoelektromos jelenségen alapuló mérésekről, míg az utóbbi csoportosítás esetén például sebesség és gyorsulás, hőmérséklet és páratartalom, vagy éppen mágneses indukciós, illetve rádiós szenzorokról.

Általában a szenzorok egyedül nem képesek működni, szükségük van áramforrásra, illetve vezérlő egységre, mely az adatgyűjtést és továbbítást szabályozza. Esetlegesen adatgyűjtő modul is kapcsolódhat az eszközhöz, melyre akkor van szükség, ha nem tudjuk azonnal elvégezni az adat-

1. ábra. Intelligens autó és az általa használt szenzorok (Forrás: Wikipédia)





2. ábra. Passzív pozicionáló rendszer szenzoreszközökkel történő megvalósításának sematikus ábrája. Az egyes eszközök kapcsolatban állnak egy vezérlő csomóponttal, amely a mért adatokat továbbítja a szerver felé

feldolgozást, vagy nem tudjuk közvetlenül eljuttatni az erre kijelölt feldolgozó egységhez. Mivel egy szenzor csak egy típusú mennyiség mérésére alkalmas, valamint a hatósugara is korlátozott, így egy nagyobb terület lefedésére vagy különféle mennyiségek mérésére több eszközre is szükségünk van. A hatékony működéshez ezen különálló egységeknek együtt kell dolgozniuk, az eszközöknek valami módon összeköttetésben kell állniuk egymással, illetve általában egy központi egységgel is. Az ilyen egyedi szenzorokból kialakított rendszert szenzorhálózatnak nevezzük.

A szenzorhálózatok sok, egymástól független, intelligens, azaz vezérlőegységgel ellátott érzékelőből állnak, melyek valami módon együttműködnek egymással, így kialakítva egy úgynevezett együttműködő (kooperatív) hálózatot. Mivel általában ezen hálózatokat arra tervezték, hogy telepítésük után hosszú ideig, külső beavatkozás nélkül működjenek, az eszközöknek lehetőség

szerint alacsony fogyasztásúnak kell lenni, valamint szükség van megbízható, hosszú élettartamú tápellátásra, továbbá egy központi egységre is, mely a vezérlést végzi, illetve szükség esetén az adatfeldolgozást is, ahogy ezt a 2. ábrán látható szenzorhálózat sematikus ábrája is illusztrálja. Ezen kívül elengedhetetlen egy hatékony kommunikációs közeg, mely az eszközök és a központi egység közötti, vagy az eszközök egymás közötti kommunikációjáért felelős. Ez két módon történhet: vezetékes, vagy vezeték nélküli összeköttetéssel. Általában vezeték nélküli összeköttetést szoktak kialakítani ezen rendszerek esetén, melyet vezeték nélküli szenzorhálózatoknak (Wireless Sensor Networks – WSN) hívnak. Speciális körülmények között, illetve nagy biztonságot és megbízhatóságot igénylő rendszerek esetén azonban a vezetékes összeköttetést választják. Ez utóbbi kialakítása nagy területeket lefedő rendszerek esetén nem egyszerű, mivel a bekábelezés ko-

moly költséggel és nehézséggel jár, azonban a vezetékes kommunikáció jóval megbízhatóbb, és biztonság szempontjából is előnyösebb.

A vezeték nélküli szenzorhálózatok sokrétű felhasználásából adódóan a rendelkezésre álló programozható hardverek palettája is igen változatos képet mutat, ahogy ezt a 3. ábrán látható néhány gyártó egy-egy terméke mutatja. Léteznek nagyon egyszerű, minimális funkcionalitású modulok, de vannak nagyobb számítási kapacitású, komolyabb feladatok ellátására alkalmas egységek is. Természetesen a hardver mellett szükség van szoftverre, illetve operációs rendszerre is, mely a szenzor node működését vezérli. Ahogy a hardverek esetén, úgy az operációs rendszereké is nagyon változatos megoldások érhetők el a piacon. A leggyakrabban alkalmazott operációs rendszer a TinyOS, de emellett a LiteOS és a Contiki is igen elterjedt. A rádiós kommunikáció megvalósítása pedig ezen programozható szenzor eszközök esetén leggyakrabban Zig-Bee alapon történik.

Napjaink megvalósításai

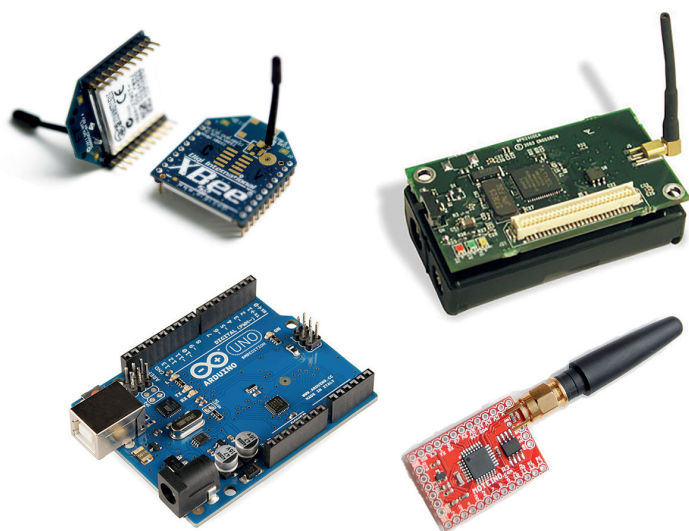
Most pedig lássunk néhány példát arra, hol tart most a világ, ezen belül is milyen kutatások, fejlesztések folynak a Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetem műhelyeiben.

A felvezetésben bemutatott otthoni példánál maradva, vegyük jobban szemügyre a szenzorhálózatok következő alkalmazását. Ahogy korábban megismerhettük, különféle szenzorok állnak rendelkezésünkre abban, hogy környezetünket monitorozzuk, valamint a begyűjtött információk alapján döntést hozunk, és ha szükséges, automatikusan, intelligens módon beavatkozunk a környezeti paraméterek változtatásával. Az ilyen típusú rendszereket távfelügyeleti és távvezérlő rendszereknek hívják. E

Passzív helymeghatározás

A programozható, vezeték nélküli szenzoreszközök sokszínűségéből adódóan a velük kialakítható szenzorhálózatok felhasználási területe akár újszerű, a hagyományos célú felhasználástól teljesen eltérő ötletek megvalósítására is lehetőséget ad. A BME Hálózati Rendszerek és Szolgáltatások Tanszékének kutatói olyan, rádiós alapon működő, passzív pozicionáló rendszert fejlesztettek, mely lehetőséget nyújt arra, hogy épületben tartózkodó emberek, objektumok helyzetét úgy tudjuk meghatározni, hogy azok nem rendelkeznek semmilyen speciális eszközzel – kültéri navigáció esetén gondolhatunk egy GPS készülékre, beltéri navigáció során pedig mobiltelefonra. Az általuk fejlesztett rendszer kizárólag a szenzoreszközök által sugárzott rádióhullámok jelszintjeiben bekövetkező változások alapján képes meghatározni a keresett személy vagy objektum pozícióját. A rendszer működésének alapötletét az adja, hogy egy rádiós linken, melyet

egy adó és egy vevő pár alkot, zavarmentes körülmények között a sugárzott jel szintje egy átlagos érték körül ingadozik. Míg, ha az adó-vevő pár közé egy ember, vagy objektum kerül, a vett jel szintje nagymértékben leromlik, így jóval alacsonyabb érték mérhető. Ha egy területet sok rádiós eszközzel körberakunk, és minden eszköz minden másikkal kialakít rádiós összeköttetést, akkor egy objektum megjelenése a területen már nagyon sok linket befolyásol. A rádiós változásokat egy rádiótomografikus képalkotó eljárásnak nevezett módszer segítségével vizuálisan is képesek vagyunk feldolgozni, így a mozgó ember megjelenik számítógépünk kijelzőjén. A kifejlesztett rendszer a későbbiekben segítséget nyújthat tűzoltók, katasztrófavédelmi szakemberek számára akár füsttel teli épületek feltérképezésében is, különösen olyan helyzetekben, amikor fény hiányában a kamerás megfigyelőrendszerek képein már nem látszódik semmi sem.



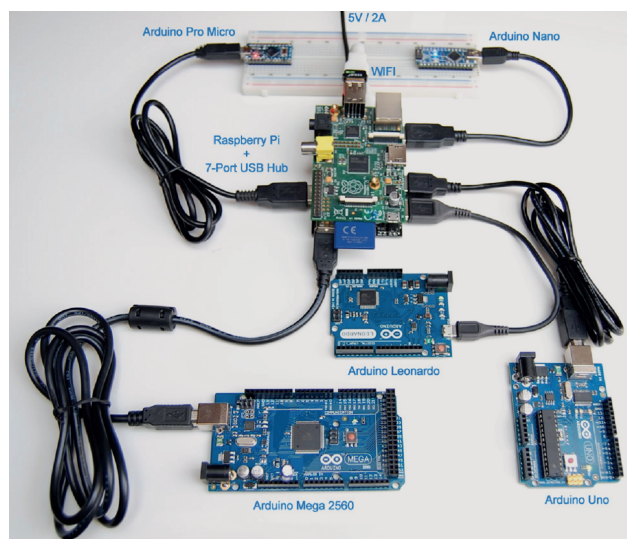
3. ábra. Különböző programozható szenzoreszközök
(Forrás: Wikipédia)

rendszereket elsősorban ipari, illetve mezőgazdasági területek monitorozására fejlesztették ki, mivel itt igen nagy területek állandó felügyeletére van szükség. Így például egy nagy napraforgótábla locsolása száraz időben nem egyszerű feladat, azonban egy intelligens öntözőrendszer kialakításával a tábla szárazabb részei automatikusan érzékelhetők, melyre a rendszer válaszként csak az adott területek locsolását fogja megkezdeni, ezáltal az erőforrások hatékonyabb kihasználása, valamint költségcsökkentés érhető el.

Mivel a Föld erőforrásai végesek, az utóbbi években egyre nagyobb figyelmet fordítanak arra, hogy az épületek energiafogyasztását minél jobban csökkentsék. Ezt figyelembe véve, az utóbbi időkben ezen rendszerek otthoni felhasználása is nagymértékben megnőtt. Otthoni automatizálási eszközök már régóta kaphatók a piacon, de korábbi magas áruk, illetve a kezdeti nehézkes integráció következtében csak most kezdenek jobban elterjedni. Ennek az egyik fő oka a korábban említett energiahatékonyságra való törekvés is. Az ilyen eszközök leggyakoribb felhasználási területei a következők: épületgépészeti eszközök szabályozása, beléptető rendszerek, világítás-technika, szórakoztató és háztartási eszközök vezérlése, valamint biztonsági rendszerek kialakítása. Általában ezek a rendszerek csak lokálisan vezérelhetők, így egyetlen távirányító, vagy éppen okostelefon segítségével képesek vagyunk a világítás mértékét, a szoba hőmérsékletét, akár a redőnyök állapotát befolyásolni. Természetesen ehhez megfelelő eszközökre van szükségünk, mint például intelligens izzók (melyek színét, intenzitását is lehet módosítani), vagy intelligens kapcsolók. Ilyen termékek

már mind elérhetők, és a technika fejlődésének köszönhetően áruk egyre alacsonyabb lesz, valamint a kapható termékek palettája is egyre szélesedik. A kényelmi szolgáltatások, valamint az emberek biztonságéretének növelése érdekében ezen intelligens rendszerek kibővíthetők egy kommunikációs egységgel is, ami képes arra, hogy távolról is monitorozható, illetve vezérelhető legyen otthonunk. Legegyszerűbb megoldás, ha egy router (és megfelelő szoftverek) segítségével internetre kapcsoljuk a rendszert, így akár egy weboldaltól is figyelhetjük otthonunkat. Ha kamerát is integráltunk rendszerünkbe, akkor annak élő képét figyelemmel követhetjük. Természetesen lehetőségünk van akár mobil hálózati modul (gondolhatunk itt GSM-re, HSDPA-ra, illetve LTE-re) beiktatására is, mely segítségével szöveges üzenetek formájában vezérelhetjük rendszerünket. Emellett megoldható az is, hogy riasztást küldjön a rendszer, mondjuk illetéktelen behatolás vagy egy kritikus paraméter (pl. füst) észlelésekor.

A piacon egyre több gyártó jelenik meg otthoni automatizálási rendszerekkel, azonban általában ezek a rendszerek egymással nem képesek együttműködni. Így, ha egy adott rendszert kialakítottunk otthonunkban, akkor annak bővítése is nagy valószínűséggel csak ugyanazon gyártó eszközeivel lehetséges. Léteznek azonban univerzális megoldások is, melyekből saját magunk is kialakíthatunk otthoni intelligens szenzorhálózatot, különféle mikrokontrollerek, szenzorok moduláris összekapcsolásával. Az egyik legismertebb platform az Arduino család, mely különböző ATmega mikrokontrollerekre épül. Ebből adódik rugalmassága is, mivel az egyszerű feladatok ellátását végző megoldástól a komolyabb



4. ábra. Az Arduino család néhány tagja egy központi egységhez csatlakoztatva (Forrás: http://www.uugear.com/wordpress/wp-content/uploads/2013/11/RPi_Arduinos.jpg)

számítást és vezérlést igénylő feladatok megvalósításáig találhatunk számunkra alkalmas hardvert. A platform könnyen programozható, moduláris felépítésű, így egy újabb szenzor, vagy vezérlő egység rendszerbe történő integrálása könnyen megoldható. A BME Hálózati Rendszerek és Szolgáltatások Tanszékének kutatóival kifejlesztettünk egy Arduino platformra épülő, otthoni felügyeleti rendszert, mely képes távolról is vezérelni otthoni eszközeinket, illetve adaptív módon megtanulja a felhasználók szokásait, mint például a kedvelt fényviszonyok, hőmérséklet stb. A fejlesztés során használt Arduino eszközök és egy központi mikroszámítógép összekapcsolását illusztrálja a 4. ábra.

Otthontól a közlekedésig

A bemutatott megoldástól már csak egy kis lépés az intelligens otthon megvalósulása. Egyre többet hallani olyan otthoni eszközökről, mint az intelligens hűtő, mosógép, vagy akár a robotporszívó. Ezek az eszközök a hagyományosaktól annyiban térnek el, hogy különféle szenzorai, illetve vezérlőegységeik vannak, így képesek arra, hogy akár autonóm módon működjenek otthonunkban, akár távolról vezérelhetők legyenek. Mindezeket túl információkat is tudnak küldeni a felhasználóknak – ha elfogy egy kedvenc termék a hűtőnkől, rögtön felkerül okos telefonunkban tárolt másnapi bevásárló listánkra. Az intelligens otthon esetén, ahogy ezt az 5. ábra is szemlélteti, már nem csak hagyományos szenzorhálózatról beszélünk. Ebben az esetben a rendszert nem csupán a különféle szenzorok intelligens módon történő összekap-

csolása alkotja, hanem az eszközök képesek egymással internet alapú kommunikációra is, így kialakítva az úgynevezett „Eszközök Internete” (Internet of Things) koncepciót. De ez már egy másik történet...

Ha már az eszközök közötti kommunikációról esett szó, a szenzorhálózatok egy másik komoly felhasználási területe a járművek közötti kommunikáció (angol szak kifejezéssel Vehicular communication, vagy Vehicle-2-Vehicle), illetve a járműveken belüli információk gyűjtése, feldolgozása, valamint automatikus beavatkozás a hatékonyabb, biztonságosabb közlekedés érdekében. Ez a terület is jelentős fejlődésnek indult az elmúlt néhány évben. Ezt mutatja a járművek közötti kommunikáció terén az IEEE 802.11p szabványa is, mely lehetővé teszi, hogy különféle gyártók egy-egy protokoll felhasználásával tudjanak járművek közötti kommunikációt megvalósítani. Természetesen ahhoz, hogy vész helyzetben (pl. egy beláthatatlan kanyar után keresztbe fordult egy autó, így a járművel lassítani kell) is mindig megbízhatóan, valószínűsítően eljusson az információ egy adott járműhöz, a kommunikációs protokollnak is támogatnia kell e kritériumokat. A legtöbb, jelenleg javasolt protokoll erre még nincs felkészítve, így komoly fejlesztések zajlanak ezen a téren is.

A BME Villamosmérnöki és Informatikai Karának kutatói is részt vesznek járművek közötti biztonságos protokoll fejlesztésében, valamint olyan alkalmazások megvalósításában, melyek a biztonságos közlekedést, valamint a minél hatékonyabb, üzemanyagkímélő járműhasználatot segítik. Ilyen alkalmazások a járművek flottakövetését segítő megoldások, valamint egy sávellahagyást figyelő alkalmazás, továbbá az autók különféle szenzorai által gyűjtött információk alapján a járműhasználatra vonatkozó statisztikák készítése, javaslattevés a hatékonyabb használatra. Egy másik alkalmazás az intelligens parkolást segítő rendszer, mely a városban belüli szabad parkolóhelyek feltérképezését, valamint egy szabad parkolóhelyhez való navigációt végzi. A szabad helyek feltérképezése jelenleg a felhasználók visszajelzései alapján történik, ami azt jelenti, hogy az alkalmazást használók jelzik az üres helyeket, melyet a rendszer statisztikai alapon feldolgoz. Ez alapján az alkalmazás jelzi a parkolóhelyet kereső számára, hogy a város adott területén, például egy utcaszakaszon, milyen valószínűséggel talál helyet. Végül igény esetén a felhasználó preferenciáinak megfelelő parkolóhelyhez irányítja őt. Ilyen alkalmazással nagymértékben csökkenthető az autók károsanyag-kibocsátása, valamint a felhasznált üzemanyag mennyisége. Ezen kívül a rendszer által gyűjtött adatok segíthetik a városfejlesztést parkolók, tömegközlekedés, illetve az úthálózat fejlesztése során. A fejlesztés jelenlegi szakaszában cé-



5. ábra. Intelligens otthon (Forrás: http://users.atw.hu/ketvillbt/kepek/portal/intelligens_otthon_meghatározások/home.png)

lunk az, hogy az autókba épített különféle szenzorok, kamerák felhasználásával automatikusan érzékeljük a szabad parkolóhelyeket. Hosszabb távon pedig az, hogy városi szinten, a városban elhelyezett szenzorok adataiból tudjuk valós időben kinyerni a számunkra hasznos információkat. Ezzel el is érkezünk az intelligens város víziójának megvalósításához.

Az intelligens város felé

Míg az intelligens otthon már a jelen, vagy a nagyon közeli jövő lehetősége, az intelligens város víziójának megvalósítására még várni kell. Ugyan néhány európai és amerikai nagyvárosban (Barcelona, Stockholm, Boston, San Francisco) prototípus jelleggel már kialakítottak intelligens városrészeket, de ezek jelenleg még csak „próbaüzemben” működnek. Az intelligens város nemcsak sok intelligens otthon és épület együtteséből áll, hanem mind a közlekedés, mind pedig a közművek intelligenssége tételét magában foglalja. Ez úgy valósítható meg, ha az egész városban mindenhol elhelyezünk különféle szenzorokat, melyek egy nagy egész alkotnak és az általuk gyűjtött hatalmas mennyiségű adat alapján képesek vagyunk olyan döntéseket hozni, melyek azt segítik elő, hogy a város élhetőbbé, környezetbarátabbá váljon.

Egy intelligens város megvalósulására Magyarországon még jó pár évet várunk kell, de jó kezdeményezések már léteznek, több nagyvárosban is elkezdtek a közlekedés intelligenssége tételét. A közel negyven

hazai szakmai és felsőoktatási intézményt tömörítő Jövő Internet Nemzeti Technológiai Platformon belül 2014-ben Okos város munkacsoport alakult a témakör szakmai kérdéseinek tanulmányozására. 2015-ben pedig egy hazai távközlési vállalat közreműködésével a megyei jogú városok Intelligens Város Nemzeti Platform alapítását jelentették be az intelligens városfejlesztések támogatására.

Az Európai Unió is komoly összegekkel támogatja ezen vízió megvalósítását, így a Horizon 2020 Smart City keretprogramja is konkrét fejlesztési célokat tűzött ki ennek érdekében. Magyarországon is jó néhány fejlesztési pályázat elérhető ezen a téren, így bízhatunk abban, hogy a cikkben bemutatott lehetőségekből több is megvalósul hazánkban.

Köszönetnyilvánítás

A szerző köszönetet mond Bacskárdi Lászlónak és Knapp Ádámnak a cikk elkészítésében nyújtott segítségért.

Irodalom

- I. F. Akyildiz, W. Su, Y. Sankarasubramaniam, E. Cayirci, „Wireless sensor networks: a survey”, Computer Networks, Volume 38, Issue 4, 15 March 2002, Pages 393–422, ISSN 1389–1286, [http://dx.doi.org/10.1016/S1389-1286\(01\)00302-4](http://dx.doi.org/10.1016/S1389-1286(01)00302-4).
- Ibrahim M. M. El Emary, S. Ramakrishnan, „Wireless Sensor Networks: From Theory to Applications”, CRC Press, 2013.
- Kazem Sohraby, Daniel Minoli, Taieb Znati, „Wireless Sensor Networks: Technology, Protocols, and Applications”, Wiley, 2007.
- Robert Faludi, „Building Wireless Sensor Networks with ZigBee, XBee, Arduino, and Processing”, O'Reilly Media, 2010.

Hálózatok, alaprendszerek a meteorológiában

Szerepük az időjárás előrejelzésében

Amióta emberek élnek a Földön, az időjárás meghatározza mindennapjaikat. Így nem véletlen, hogy az időjárás megismerésének, sőt az időjárás előrejelzésének vágya egyidős az emberiséssel. A régmúlt időkben a szélsőséges időjárási eseményeket, a velük sokszor együtt járó elemi csapásokat jegyezték fel az emberek, de a XVIII–XIX. századtól már megtalálhatók a rendszeres időjárási észlelések és műszeres mérések, majd az információk cseréjének első csirái is. Az 1870-ben megalapított Societas Meteorological Palatina, más néven Mannheimi Társaság nemcsak a mai modern meteorológiai megfigyelés alapját rakta le azzal, hogy egységesítette a műszereket és pontos megfigyelési utasításokat adott ki a mérések, megfigyelések időpontjáról és körülményeiről, hanem az alapvető szervezési követelményt is tisztázta az utókor számára (Czelnai, 1995). Ennek a meteorológiai mérések és megfigyelések egységes lebonyolítására és az adatok cseréjére létrejött első nemzetközi hálózatnak a megszervezéséhez kormányközi megállapodásokra is szükség volt, hiszen e nélkül a különböző országok területén a műszerek felállítását és a jelentések begyűjtését nem lehetett volna megoldani. A Mannheimi Társaságnak alig több mint 10 éves működés után a napóleoni háborúk vetettek véget.

Nem sokkal később egy újabb háború azonban akkora löketet adott az időjárási észlelések megszervezésének és cseréjének, amely már az intézményesített megfigyelés és adatsere kialakulásáig visz el bennünket. Történelmi tény, hogy a krími háború során, 1854. november 14-ére virradó éjszaka a Balaklavai-öbölben, egy hirtelen érkezett pusztító vihar néhány óra alatt megsemmisítette az egyesült angol–francia hadiflottát. A nagy emberáldozattal és anyagi veszteséggel járó katasztrófát követően bizta meg a francia kormány *Le Verrier* csillagászt a következő feladattal: vizsgálja meg, hogy az akkor Európában és az észak-atlanti térségben már működő, mintegy 45 meteorológiai állomás adatainak előzetes ismeretében vajon következtetni le-

hetett volna-e a vihar közeledtére. A vizsgálat eredménye várakozáson felüli meglepetést okozott. A katasztrófát megelőző napok megfigyelési adatainak térképre vitelevél és elemzésével felismerhető, valamint nyomon követhető volt az a ciklon, amelyhez a szobán forgó vihar kapcsolódott (Vissy, 2003). Bár néhány országban már előtte is voltak főként éghajlati mérésekkel és kutatásokkal foglalkozó szervezetek, intézetek, a felismerés hatására, hogy van remény az időjárás alakulásának előrejelzésére a mért adatok cseréjét követő elemzések ismeretében, sorra alakultak meg az egyes országok időjárás-veszélyjelző szolgálatai. 1873-ban az első bécsi nemzetközi világgongresszuson született meg a határozat a Nemzetközi Meteorológiai Szervezet (IMO) megalakításáról. A XX. század első felében a technika fejlődése és a szervezethez újabb lendületet adott az információk cseréjének. Ami a technikát illeti, az 1930-as évektől megjelentek és egyre nagyobb teret hódítottak a távközlésben a telexek. Segítségükkel jelentősen megnövekedhetett az átadott időjárási feljegyzések mennyisége és az adatátvitel sebessége is. A szervezethez szintje pedig azzal nőtt, hogy az IMO-n belül regionális bizottságok és technikai bizottságok alakultak, amelyek többek között a megfigyelések módját és eredményeinek nemzetközi cseréjét is koordinálták.

A második világháború idején a meteorológiai adatok is hadititokká váltak, ami lehetetlenné tette a nemzetközi együttműködést. A háború befejezését követően nem sokkal, 1947-ben az újjáéledő IMO döntött a Meteorológiai Világszervezet (World Meteorological Organization – WMO) létrehozásáról, amely 1950–1951-ben 37 tagállamot számlálva az ENSZ szakosított intézményeként meg is alakult, és azóta koordinálja a légköri folyamatok megfigyelését, az adatok cseréjét, feldolgozását és az előrejelzések elkészítését végző hálózatok és rendszerek bonyolult sokaságát. Írásunk egyrészt a meteorológiai hálózatok szerves rendszerével, a hálózathoz fejlesztés új eredményével ismerteti meg az olvasót, más-

részt röviden megmutatjuk azt is, hogy a korszerű mérési technikáknak és a gyors adattovábbításnak köszönhetően a mind térben, mind időben lényegesen megnövekedett adatmennyiség hogyan befolyásolja az időjárási modellek pontosságát.

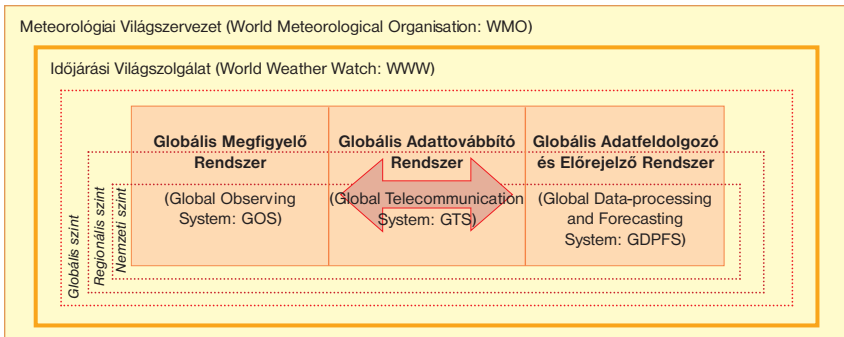
A WMO Időjárási Világszolgálat rendszerének felépítése

A légkör állapotának, jelenségeinek vizsgálata és ezek előrejelzése az egész Földre kiterjedő hálózatot, jól szervezett nemzetközi együttműködést igényel. Ennek összehangolását a Meteorológiai Világszervezet (WMO) egyik programja, az Időjárási Világszolgálat (World Weather Watch – WWW) végzi. Az adatok gyűjtéséért, azok továbbításáért, feldolgozásáért, és az előrejelzések elkészítéséért a programon belül három önmagában is összetett rendszer felel.

- A Globális Megfigyelő Rendszer (Global Observing System – GOS) keretén belül történik a meteorológiai mérések és megfigyelések végrehajtása.
- A Globális Távközlési Rendszer (Global Telecommunication System – GTS) feladata az, hogy az adatok a mérőhelyről a feldolgozó és archiváló központba jussanak, illetve feldolgozást követően visszaküldjenek a nemzeti központokba.
- A Globális Adatfeldolgozó és Előrejelző Rendszer (Global Data-processing and Forecasting System – GDPFS) az adatfeldolgozás és az időjárási modellek futtatásának rendkívül összetett és nagy számítási igényű műveleteit végzi.

Az adatgyűjtés, továbbítás és feldolgozás hármass hierarchiában: nemzeti, regionális és globális szinten történik (**1. ábra**).

A három rendszer és a rendszereken belüli hálózatok kiépítésének, megszervezésének célja a mérések, megfigyelések, az adatátvitel és az adatfeldolgozás módszereinek, technikáinak egységesítése annak érdekében, hogy az információk összehasonlíthatók, a világ bármely táján azonnal elérhető és feldolgozhatók legyenek.



1. ábra. Az Időjárási Világszolgálat rendszerének felépítése (Forrás: Mészáros, 2013)

A Globális Megfigyelő Rendszer hálózatai

A földfelszíni mérőhálózat

A meteorológiai megfigyelések gerincét a földfelszíni megfigyelések adják. Napjainkban a kontinensek kb. 11 000 pontján végeznek legalább háromóránként, de leggyakrabban óránként, vagy 10 percenként meteorológiai méréseket. Ezek közül 4000 állomás tagja a Regionális Szinoptikus Alaphálózatoknak (Regional Basic Synoptic Networks – RBSNs) és 3000 állomás alkotja a Regionális Éghajlati Alaphálózatokat (Regional Basic Climatological Networks – RBCNs). Ezeknek az állomásoknak egy részhez a Globális Éghajlati Megfigyelési Rendszer Földfelszíni Hálózata (Global Climate Observing System (GCOS) Surface Network – GSN). Az állomások nagy száma azonban nem fedi le egyenletesen a szárazföldet. A sűrűn lakott területeken az állomássűrűség megfelelő, azonban lakatlan vidékeken (pl. nagy kiterjedésű sivatagokban, hegyvidékeken) csak elvétve található egy-egy meteorológiai állomás (2. ábra).

A tengeri mérőhálózat

Természetesen a tengereken is szükség van az időjárás megfigyelésre. A Globális Megfigyelő Rendszer Voluntary Observing Program (VOP) keretében mintegy 2000 hajón végeznek önkéntesen meteorológiai és a tengerfelszínre vonatkozó oceanográfiai méréseket. A világszerte több mint 400 kötött bója által szolgáltatott oceanográfiai és meteorológiai adatok nagy segítséget nyújtanak a tengerek felett kialakuló jelenségek (pl. El Niño, trópusi ciklonok stb.) előrejelzéséhez. Az ezernél is több sodródó bójából álló hálózatot alapvetően a tengeráramlatok vizsgálata céljából telepítették, de a bójak többsége meteorológiai méréseket is végez (3. ábra).

A magaslégköri mérőhálózat

A szinoptikus magaslégköri állomásokon a légkör vertikális szerkezetét mérő eszközöket bocsátanak a légkörbe. A magaslég-

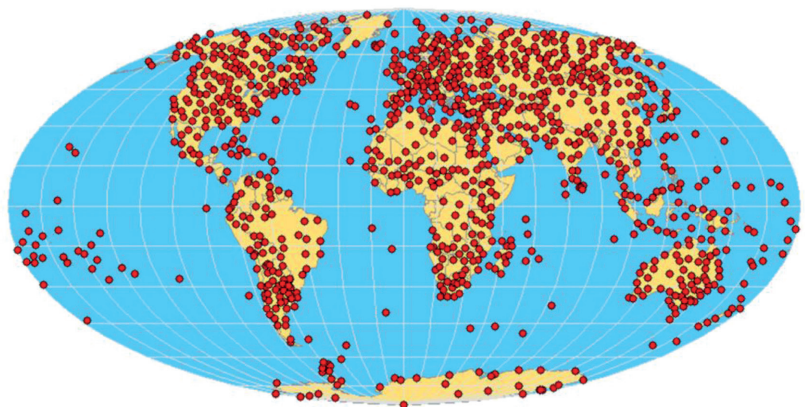
köri mérőhálózat 1300 állomásból áll. Több mint kétharmadukon naponta kétszer, 00 és 12 UTC-kor engednek fel a levegő hőmérsékletét, nedvességét és nyomását mérő rádiószondát, 100–200 állomáson csak

naponta egyszer. Az óceáni területeken, elsősorban az észak-atlanti térségben hajókról is bocsátanak fel szondákat. A magaslégköri állomások egy részhez a Globális Éghajlati Megfigyelő Rendszer Magaslégköri Hálózatát (GCOS Upper-air Network – GUAN) (4. ábra).

Repülőgépes mérések

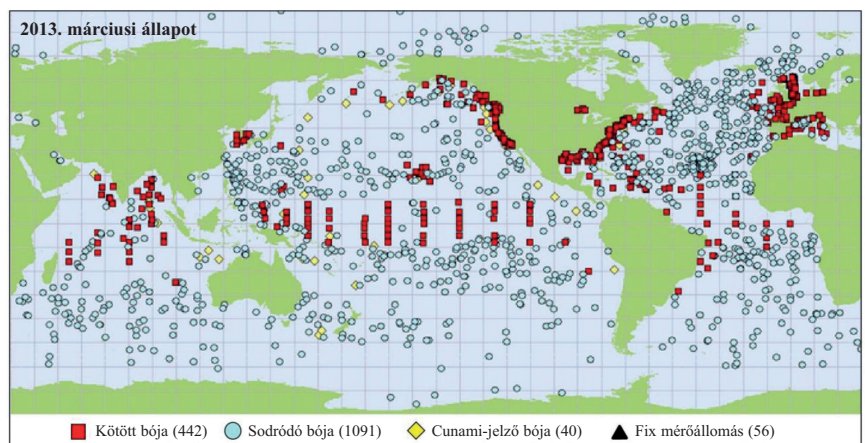
A légkör vertikális szerkezetének feltérképezéséhez a polgári légiforgalomban közlekedő repülőgépek által rendszeresen szolgáltatott meteorológiai információk is hozzájárulnak. Napjainkban már több mint 3000 repülőgép továbbít repülés közben időjárási adatokat. Ez különösen olyan területeken hasznos, ahol kevés a rádiószondás mérés vagy egyáltalán nincs. Az 5. ábrán látható, hogy melyek azok a térségek, ahol a repülőgépes mérések segítségével jelentősen növelhető a meteorológiai információk mennyisége. Az elérhető adatok száma

GCOS Surface Network (1017 Stations)



GCOS Secretariat, 1 March 2014

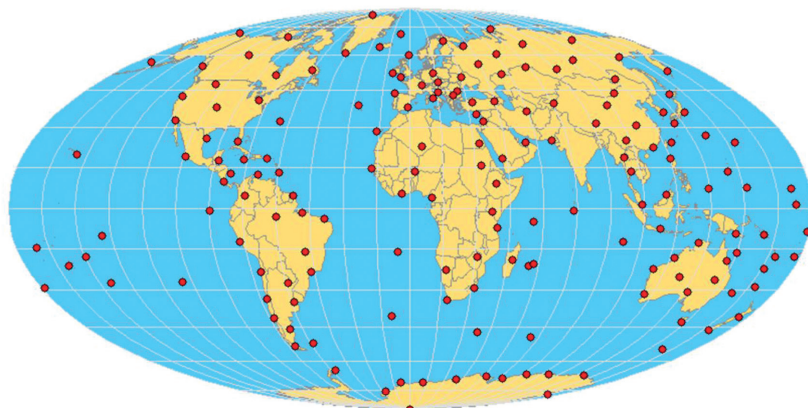
2. ábra. A Globális Éghajlati Megfigyelési Rendszer Földfelszíni Hálózata (Forrás: WMO)



3. ábra. Tengeri méréseket végző bójak és fix parti mérőállomások a világtengereken 2013 márciusában. A mérésekben kötött bójak, sodródó bójak, cunamijelző bójak és egyéb fix mérőállomások vesznek részt (Forrás: Mészáros, 2013)

GCOS Upper-Air Network

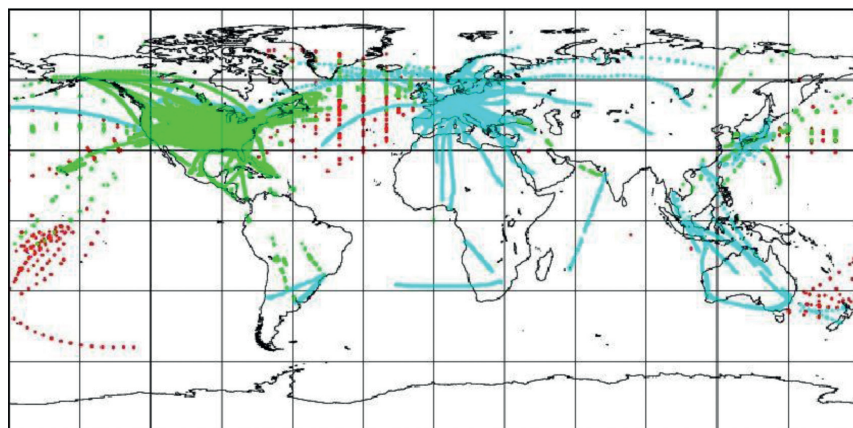
(171 Stations)



GCOS Secretariat, 1 March 2014

4. ábra. A Globális Éghajlat Megfigyelő Rendszer Magaslégköri Mérőhálózata

(Forrás: WMO)



5. ábra. Repülőgépes mérések térbeli elhelyezkedése a Földön

(Forrás: WMO)



6. ábra. A Globális Megfigyelő Rendszer műholdas hálózata (Forrás: WMO)

drasztikus növekedést mutat az elmúlt években. 2000-ben napi 78 000 jelentés készült a repülések útvonalán, 2012-ben ez a szám már 300 000-re nőtt.

A Globális Megfigyelő Rendszer űrbázisú szegmense

A GOS műholdas hálózata négy operatív kvázipoláris, hét operatív geostacionárius és további kutatási-fejlesztési célú műholdakból áll (6. ábra). A kvázipoláris és geostacionárius műholdak általában látható és infravörös érzékelőkkel és szondákkal vannak felszerelve, amelyek segítségével a felhőmentes területeken vertikális hőmérsékleti és nedvességi profilokat is tudnak szolgáltatni. A műholdas mérések hatalmas előnye, hogy teljes globális lefedettséget nyújt, tehát olyan helyekről (pl. a sarkvidékek) is nagyszámú adathoz jutunk, ahol szárazföldi, vagy óceáni mérőállomás nem működik. A műholdakra szerelt érzékelők és a kommunikációs és adatasszimilációs technikák fejlődésének eredményeképpen ma már a hatalmas mennyiségű műholdas adat a numerikus időjárási modellek fontos bemenő paraméterévé vált és lényeges javulást eredményezett az időjárási modellek bevalásában. Erről a későbbiekben még szólnunk.

Időjárási radarhálózat

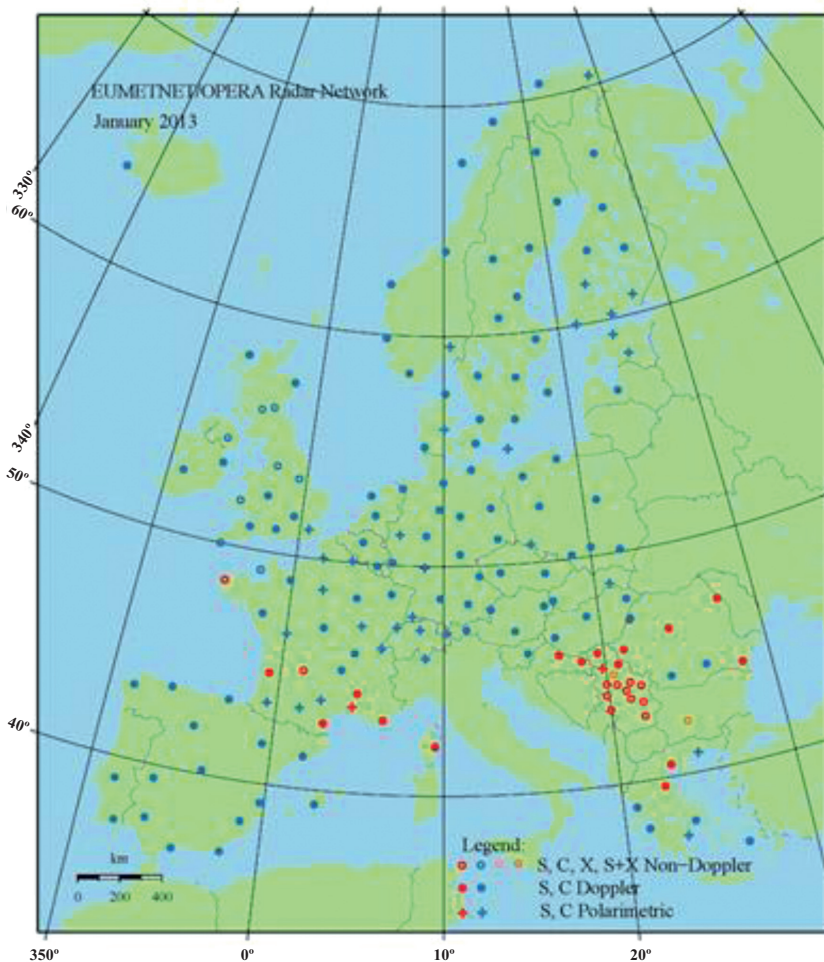
Az időjárási radarok esetében korábban a nemzeti szinten létrehozott hálózatok voltak jellemzőek. Az utóbbi időkben már a tendencia a regionális hálózatok kialakítása felé tolódik. Az Európai Meteorológiai Szolgálatok Hálózata (EUMETNET) által létrehozott Európai Operatív Időjárási Radarhálózat (Operational Weather Radar Network in Europe – OPERA) 2013-ban már 202 db operatív időjárási radarból állt (7. ábra).

Egyéb hálózatok

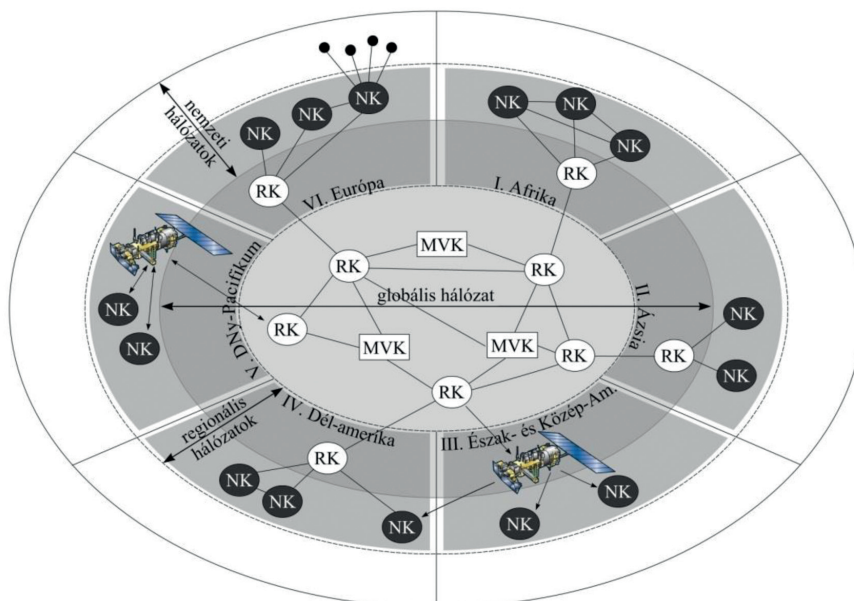
A GOS programjához még számos egyéb, speciális feladatokat ellátó hálózat is tartozik. Ilyenek a globálisugrás-mérőkből, a villámdetektorokból, vagy a szél vertikális profiljának mérését végző wind profilerekből létrehozott hálózatok. Fontos még megemlíteni a Globális Navigációs Műholdrendszer (Global Navigational Satellite System – GNSS) hálózat GPS-adatait is, amelyek segítségével a légköri nedvességtartalomra vonatkozó információkat nyerhetünk.

A közeljövő tervei

A környezeti megfigyelések hatékonyságának növelése érdekében napjainkban egy integrált, átfogó rendszer készül a megfigyelés területén, amely összehangol minden olyan a WMO és más szervezetek által lebonyolított, de a WMO által is finanszírozott programot, amelyek meteorológiai, levegőkémiai, krioszférára vonatkozó, vagy hidrológiai adatokat gyűjtenek. Az új integrált rendszer a WIGOS (WMO Integrated



7. ábra. Az EUMETNET által létrehozott OPERA radarhálózat állomásai
(Forrás: EUMETNET)



8. ábra. A Globális Távközlési Rendszer felépítése (Forrás: Bartholy, Mászáros, 2013).
(MVK: Meteorológiai Világközpont, RK: Regionális Központ, NK: Nemzeti Központ)

Global Observing System) nevet kapta, és a tervek szerint 2016–2019 között lép majd operatív működésbe. A WIGOS keretében olyan megfigyelési hálózatok integrálódnak, mint a meteorológiai adatokat gyűjtő Globális Megfigyelő Rendszer (GOS), a légkör kémiai összetevőit vizsgáló Globális Légmegfigyelési Rendszer (GAW), a WMO hidrológiai megfigyelő hálózatai és a földfelszínen található különféle hó- és jégformációkat vizsgáló Globális Krioszféra Megfigyelő Rendszer (GCW).

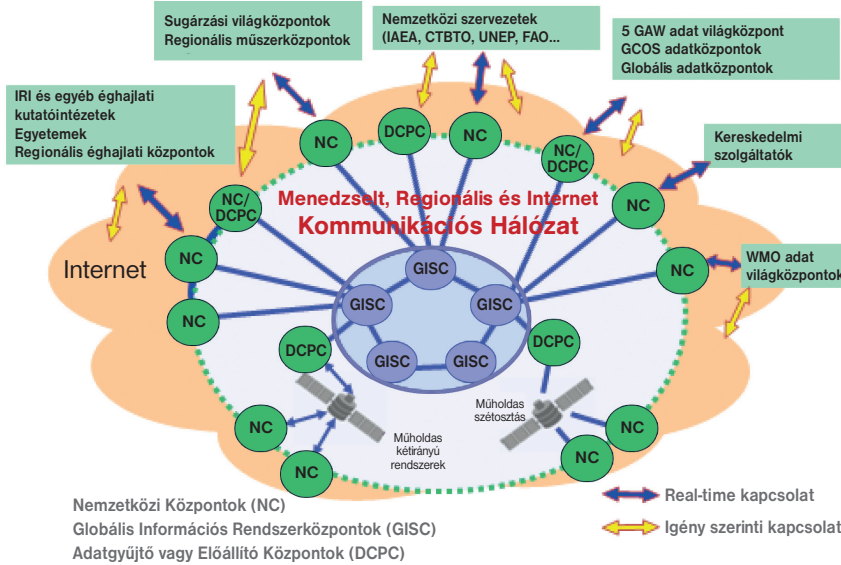
Telekommunikációs hálózatok a meteorológiában.

A Globális Távközlési Rendszer

Az időjárás pillanatnyi állapotának megfigyelése után minden egyes állomás adatait összegyűjtik. Az adatok gyűjtését a Globális Távközlési Rendszer végzi. Ezt a rendszert a WMO-tagországok Nemzeti Meteorológiai Szolgálatai, valamint néhány WMO-tag nemzetközi szervezet, mint a Középtávú Időjárás Előrejelzések Európai Központja (ECMWF) és az Európai Műholdak Hasznosításának Meteorológiai Szervezete (EUMETSAT) üzemeltetik. Ehhez összehangolt munka szükséges, hiszen az adatbázist az időjárás folyamatos előrejelzéséhez is felhasználják, ezért az adatgyűjtést a lehető leggyorsabban kell elvégezni. Az adatsere során a meteorológiai állomások adatai először a nemzeti meteorológiai központokba kerülnek, onnan a regionális központokba, majd a meteorológiai világközpontokba, illetve az előrejelző központokba. A távközlés külön erre a célra fenntartott vonalakon és műholdak segítségével történik.

A Globális Távközlési Rendszer az Időjárási Világszolgálat teljes rendszeréhez hasonlóan szintén három szinten szerveződött (8. ábra).

- Globális szinten a Fő Távközlési Hálózat (Main Telecommunication Network – MTN) köti össze a három Meteorológiai Világközpontot, Melbourne-t, Moszkvát és Washington-t és a 15 Regionális Központ (Regional Telecommunication Hubs – RTH) mindegyikét. Ezek: Algír, Bracknell, Brasília, Buenos Aires, Kairó, Dakar, Dzsidda, Nairobi, Offenbach, Peking, Toulouse, Prága, Szófia, Tokió és Újdelhi.
- Regionális szinten a Regionális Meteorológiai Távközlési Hálózatok (Regional Meteorological Telecommunication Network – RMTN) bonyolítják az adatszerét. Ezek összetett hálózatok, amelyek egyrészt a WMO 6 régióján (Afrika, Ázsia, Észak- és Közép-Amerika, Dél-Amerika, Délnyugat-Csendes-óceán és Európa) belüli távközlést végzik, másrészt összekötik ezeket a telekommunikációs csa-



9. ábra. A WMO Információs Rendszer felépítése (Forrás: WMO)

tornákat a Meteorológiai Távközlési Központokkal.

- Nemzeti szinten a Nemzeti Távközlési Hálózatokat (National Meteorological Telecommunication Network – NMTN) a tagországok Nemzeti Meteorológiai Szolgálatai működtetik. Ezen a hálózatokon keresztül történik az adatok összegyűjtése, a meteorológiai információk fogadása és terjesztése az országon belül.

A Globális Távközlési Rendszer mindhárom szintjébe beépültek a meteorológiai/környezeti, vagy távközlési műholdas rendszerek, amelyek adatgyűjtést és adatszétosztást egyaránt végeznek.

Ami az adatátvitel technikai részleteit illeti, a GTS olyan integrált hálózat, ahol az adatforgalom kommunikációs felhőn, kábeleket és műholdas összeköttetések sokaságán keresztül történik, pont-pont összeköttetések, távközlési csomópontok és telekommunikációs központok segítségével, folyamatos rendelkezésre állással. A mérőhelyekről a feldolgozásig különböző meteorológiai táviratok formájában jutnak el az adatok. A táviratok a mérési és megfigyelési eredményeket egyezményes numerikus kódok alapján, digitális formában továbbítják. Napjainkban jelentős változás zajlik ezen a területen, folyamatban van a hagyományos alfanumerikus kódok kiváltása bináris táblázatos kódokkal a hatékonyabb adatszere és adatfeldolgozás érdekében.

A Meteorológiai Világszervezet Információs Rendszere (WIS)

Az előzőekben bemutatott Globális Távközlési Rendszert alapvetően azért hozták létre, hogy a Nemzeti Meteorológiai Szol-

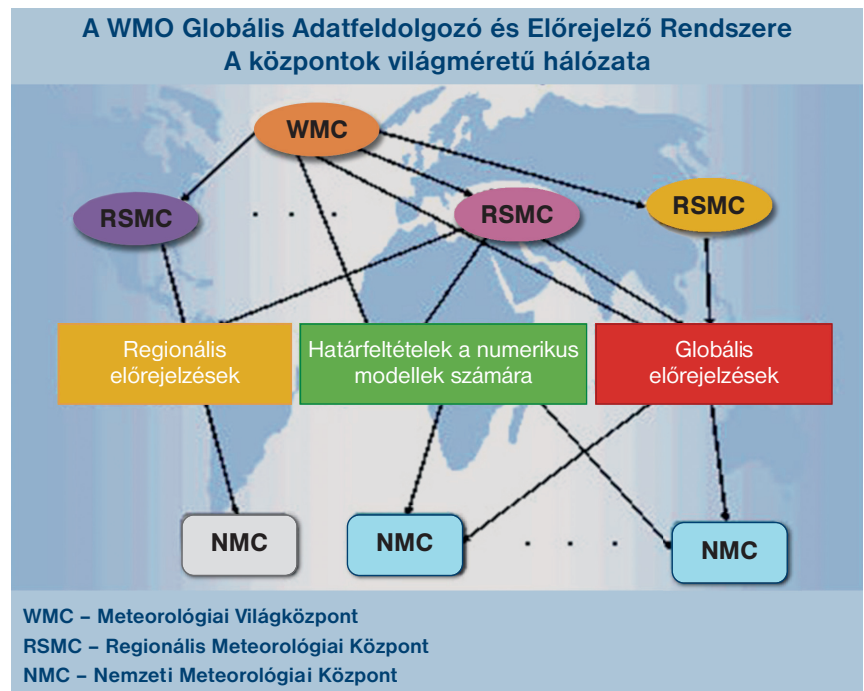
gálatok és a WMO tagintézmények között a mért, megfigyelt adatok cseréjéhez biztosítsa a kommunikációs gerinchálózatot. Az időjárási eredetű katasztrófák kockázatának csökkentése érdekében azonban szükséges, hogy a WMO megfigyelő és adatfeldolgozó rendszerében keletkezett információk ne csak a meteorológusok, hanem a katasztrófavédelmi szervek számára, valamint vízgazdálkodási, élelmiszer-biztonsági és egészségügyi célokra is gyorsan elérhetővé váljanak. Ezért 2012-ben olyan új

komplex információs rendszert indítottak el, amely lehetővé teszi minden WMO és a kapcsolódó nemzetközi program számára az adatokhoz való rendszeres hozzáférést, a visszakeresést, az adatok cseréjét és a terjesztését. Ez az átfogó rendszer, amely jelentősen megkönnyíti a meteorológiai adatbázisokba való belépést, illetve leegyszerűsíti az adatbázisok széles körben való megosztását, a WIS (WMO Information System) nevet kapta (9. ábra). A szintén három szinten (globális, regionális, nemzeti) szerveződött rendszer interaktív. A megfelelő engedélyezett pontokon bármely szervezet beírhatja adatigényét, amit a WIS-partnerek azonnal észlelnek. Ha az információt még nem tartalmazza a rendszer, de létezik, akkor az érintett fél azonnal egy felületen keresztül megadhatja a szükséges meta adatokat és rendelkezésre bocsáthatja az igényelt mérési eredményt.

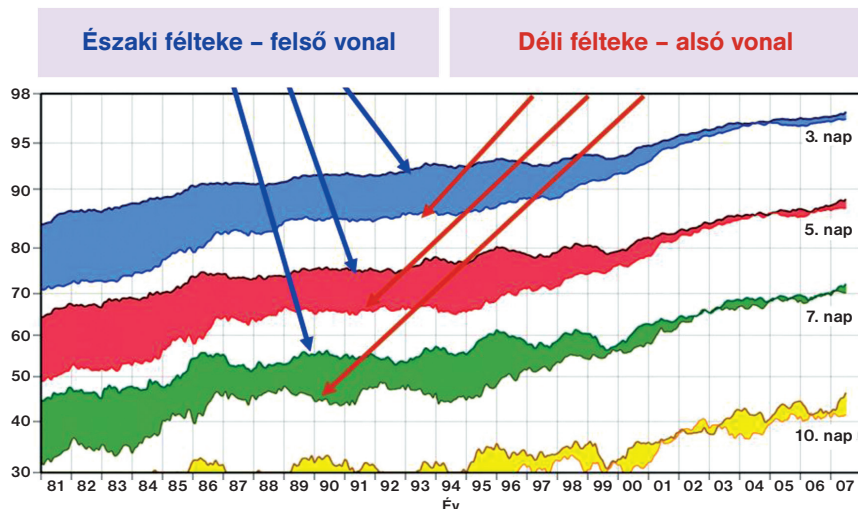
A Globális Adatfeldolgozó és Előrejelző Rendszer

A Globális Adatfeldolgozó és Előrejelző Rendszer (GDPFS) fő feladata a meteorológiai analízisek és előrejelzések elkészítése. A másik két rendszerhez hasonlóan ez a rendszer is három szinten szerveződött (10. ábra). Az első, globális szintet a Meteorológiai Világközpont alkotják: Washington, Melbourne és Moszkva. A regionális központok között vannak általános területi felelősséggel bíró központok (Európában ilyen pl. Offenbach és Exeter), és vannak

10. ábra. A WMO Globális Adatfeldolgozó és Előrejelző Rendszere (Forrás: WMO)



WMC – Meteorológiai Világközpont
RSMC – Regionális Meteorológiai Központ
NMC – Nemzeti Meteorológiai Központ



11. ábra. Az ECMWF globális modell 500 hPa szint előrejelzésének hibakorrelációja az északi és a déli féltekén (Forrás: ECMWF)

valamilyen speciális feladatot ellátó központok: trópusi ciklon előrejelző központok, az Európai Középtávú Időjárás Előrejelzések Központja (ECMWF), vagy a légköri szennyezőanyagok terjedését modellező központok. A harmadik szint, a Nemzeti Meteorológiai Szolgálatok közül sokan futtatnak regionális, vagy lokális időjárási modelleket, mások csak a regionális központoktól kapott modellek utófeldolgozásával, a belőlük készített előrejelzések terjesztésével foglalkoznak. A Globális Adatfeldolgozó és Előrejelző Rendszer feladatai egyrészt operatív, real-time feladatok, mint az időjárás előrejelzése, vagy az időjárási analízisek készítése, másrészt pedig regisztratív feladatok lehetnek, mint az éghajlati adatfeldolgozás, vagy az előrejelzések összehasonlító elemzése.

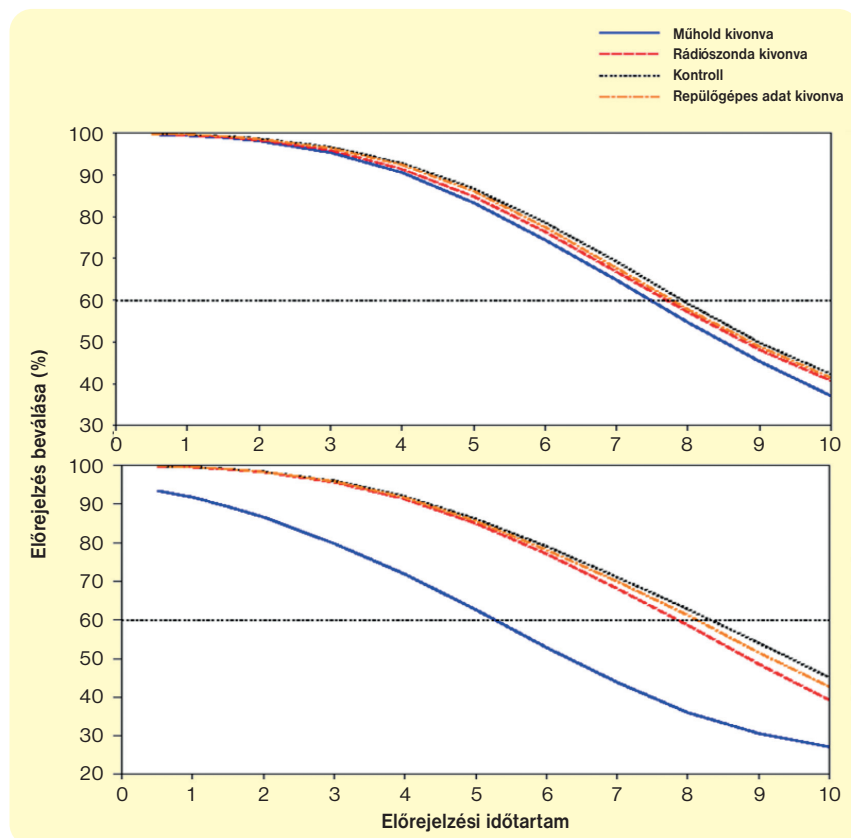
Az adatok felhasználása a számítógépes időjárás-előrejelzésekben

Az előzőekben ismertetett rendszerek közös célja az, hogy a lehető legpontosabb információt nyújtsák a légkör mindenkor aktuális állapotáról. Az éghajlati elemzések elkészítése mellett ezeknek az adatoknak a számítógépes időjárás előrejelző modellek futtatásánál van nélkülözhetetlen szerepük. A numerikus modell-előrejelzések pontossága szempontjából kiemelt jelentőségű az, hogy minél egzaktabban definiáljuk a kezdeti feltételeket. A kezdeti feltételeket az ún. adatasszimilációs eljárás során állítjuk elő a légkör aktuális állapotát jellemző, rendelkezésre álló információk figyelembevételével. Ilyen információk a meteorológiai megfigyelések és a háttérmező (a modell korábbi előrejelzése az aktuális kezdeti mező időpontjára vonatkozóan). Az adatasszimi-

láció célja tehát a légkör jelenlegi (kiindulási) állapotának lehető legpontosabb leírása az összes elérhető információ felhasználásával. A hagyományos operatív gyakorlatban alkalmazott adatasszimiláció abból áll, hogy szabályos időközönként (általában hatóránként, de lehet sűrűbben is) korrigál-

ják a modell által előre jelzett értékeket az időközben beérkezett mért adatoknak megfelelően. A megfigyelési rendszer ismertetésekor láthattuk, hogy milyen sok, és tulajdonságaiban mennyire eltérőek a meteorológiai hálózatok rendelkezésre álló adatai, amelyekből a numerikus modellek kezdeti feltételeit meg kell határozni. A földfelszíni és a rádiószondás állomáshálózat előnye, hogy azonos időben történő (szinoptikus), és a modellváltozókhoz hasonló méréseket végez, ami kedvez a hagyományos adatasszimilációs eljárásoknak. Viszont ezen állomások térbeli elhelyezkedése rendkívül egyenetlen, a sarkvidékek területén, illetve egyes óceáni területeken nagyon gyér a hálózat, ami az előre jelezhetőséget gyengíti. A korszerű számítógépes előrejelzés alapja, hogy minden rendelkezésre álló adatot (többféle műholdas megfigyelés, repülőgépes megfigyelések, wind profiler mérések, időjárási radarok adatai) beépítsünk a modellekbe. Ez új kihívást jelentett, hiszen a szabályos időszakonként történő pontszerű megfigyelésekhez képest ezek az adatok térben és/vagy időben folytonos információt szolgáltatnak a légkör állapotáról, a mért adatok pedig nem azonosak a modellváltozókkal. Ehhez új típusú adatasszimilációs technikák: háromdimenziós (térbeli), vagy négydimenziós (folytonos tér- és időbeli)

12. ábra. Az ECMWF analízis és előrejelzési rendszerével végzett 4 hónapos kísérlet eredménye a különböző megfigyelések kivonásával (Forrás: ECMWF)



variációs analízis (Lorenc, 1986) bevezetésére és hatalmas számítógépes kapacitás megteremtésére volt szükség.

A modell előrejelzések bevalásának javulásában különös jelentőségük a műholdas mérések hatalmas előnye, hogy az egész Földre kiterjedő globális lefedettséget nyújt, tehát olyan területekről is tudunk folyamatos mérési eredményekhez jutni, ahonnan hagyományos szinoptikus adatok nincsenek. Műholdas adatokat már az 1970-es évek óta használnak a modellekben. A 90-es évek közepéig csupán a TOVS és ATOVS műszerek által mért sugárzási értékekből (radianciákból) származtatott hőmérséklet- és nedvesség-profilokat használták, így a műholdas adatok asszimilációja nem különbözött a hagyományos megfigyelésekből származó adatok asszimilációjától. Abban mindenki egyetértett, hogy az (A)TOVS adatok alkalmazása pozitív hatást gyakorolt a déli féltekére és a trópusokra vonatkozó időjárás-előrejelzésre, ugyanakkor eltérő hatásról számoltak be az északi féltekére végzett modellfuttatásokban, amelyekben a gyenge pozitív hatás a kilencvenes évek elejére eltűnni látszott. Ez annak tulajdonítható, hogy amíg a modellben használt többi adat minősége javult, a műholdas adatok változatlanok maradtak. A problémára a megoldás a 90-es évek második felében született meg: a profilok helyett a nyers radiancia adatok használata, a variációs analízis mint adatasszimilációs technika alkalmazásával. A radiancia adatok (pl. ATOVS AMSU-A/AMSU-B/MHS, IASI és SEVIRI sugárzási értékek) mellett fontos szerepe van a felhőobjektumok mozgásából származtatott szél adatoknak (AMV) is. Sok kísérlet és feldolgozás van, amelyek a műholdas adatok bevonásának pozitív hatását egyértelműen bizonyítják (pl. McNally and Watts, 2003; McNally, 2009; Guidard et al., 2011; Randriamampianina et al., 2011; több előadás az ECMWF szokásos szemináriumából, 2014). Az Európai Középtávú Előrejelző Központ globális modelljében a lényegesen gyéresebb hagyományos mérési hálózattal rendelkező déli féltekére készült előrejelzések megbízhatósága egyre jobban megközelíti az északi féltekére vonatkozó előrejelzések megbízhatóságát (11. ábra). Hogy ez döntően annak tudható-e be,

hogy a modellbe bevont műholdas adatok száma exponenciálisan megnövekedett, az egyértelműen bizonyítható az ECMWF kísérleteivel (English, 2013). A 4 hónapos kísérlet során az ECMWF analízis és előrejelzési rendszeréből különböző megfigyelési adatokat (műholdas, magaslégköri szondázás, repülőgépes mérések) vontak ki és vizsgálták az előrejelzések bevalására gyakorolt hatásukat az északi és a déli féltekére. A 12. ábrán jól látható a műholdas mérések kivonásának drasztikus hatása a déli féltekére vonatkozó előrejelzések minőségromlására (McNally, 2012).

A hazai gyakorlatban elsőként Randriamampianina vizsgálta az ATOVS adatok közül a AMSU-A műszerről származó hőmérsékleti adatok származtatására alkalmas radianciákat az ALADIN korlátos tartományú előrejelző modell adatasszimilációjánál, és kimutatta azok gyengén pozitív hatását az ALADIN analízisére és előrejelzésére (Randriamampianina és Szoták, 2003). Ezt követte a többi műholdas adat (AMSU-B, SEVIRI, AMV) bevonása az azóta operatíván futó ALADIN modellbe. A nagy (2 km) felbontású előrejelzési modelleknél, mint az operatív AROME, különösen fontos az aszinoptikus vagy gyakran mért adatok (műhold, radar, GPS) asszimilációja, hiszen ma már 3 órás (naponta 8-szor) adatasszimilációs ciklust alkalmazunk, ahol a főterminuson (00, 06, 12, 18 UTC) kívüli időpontokban nem állnak rendelkezésre hagyományos (földfelszíni és rádiószondás) megfigyelések. (Erről bővebben lásd Mile et al, 2015.)

Az egyes országok nemzeti előrejelző központjaiban futtatott regionális, vagy lokális modellek háromórás, vagy órás adatasszimilációs ciklusaihoz szükséges adatok a műholdas információk szórásának már egy olyan, GTS-en kívüli formáját is megkövetelik, amely azonnali adatelérést biztosít. Ezt a célt szolgálja az Európai Műhold-meteorológiai Szervezet (EUMETSAT) által 2002-ben létrehozott EARS (EUMETSAT ATOVS Re-transmission Service) adatközlési rendszer, ahol a felhasználók nem a távközlési központokon keresztül, hanem közvetlenül, real-time módon kapják a szükséges adatokat. A rendszer olyan sikerrel üzemel, hogy a WMO egy, az egész Földre kiterjesztett, hasonló elvek alapján működő hálózatot (Regional ATOVS Re-transmission Services – RARS) szervezett a műholdas ATOVS adatok szórására, amely ugyan már működik, de fejlesztése napjainkban is folyik.

Irodalom

- Bartholy J., Mészáros R. (szerk. 2013): *Meteorológiai Alapismeretek* Eötvös Loránd Tudományegyetem, Budapest (TÁMOP-4.1.2.A/1-11/1-2011-0073 számú projekt) (<http://elte.prompt.hu/sites/default/files/files/tananyagok/MeteorologiaiAlapismeretek/index.html>)
- Czelnai R. (1995): *Az Országos Meteorológiai Szolgálat 125 éve (1870-1995)*. OMSZ
- ECMWF szeminárium (2014): <http://www.ecmwf.int/en/seminar-2014-use-satellite-observations-numerical-weather-prediction>
- English S. (2013): The satellite global observing system. ECMWF továbbképzés. http://old.ecmwf.int/newsevents/training/meteorological_presentations/2013/SAF2013/English/English_Overview.ppt
- Guidard V., Fourrié N., Brousseau P., Rabier F. (2011): Impact of IASI assimilation at global and convective scales and challenges for the assimilation of cloudy scenes. *Q. J. R. Meteorol. Soc.* 137: 1975–1987.
- Lorenc, A. (1986): Analysis methods for numerical weather prediction. *Quart. J. Roy. Meteor. Soc.*, 112, 1177–1194.
- Mészáros R. (2013): *Meteorológiai műszerek és mérőrendszerek* Eötvös Loránd Tudományegyetem, Budapest. (TÁMOP-4.1.2.A/1-11/1-2011-0073 számú projekt) <http://elte.prompt.hu/sites/default/files/files/tananyagok/meteorologia/index.html>
- Mile M., G. Bölöni, R. Randriamampianina, L. Kullmann, R. Steib, I. Sebők, E. Kucukkaraca, (2015): Overview of mesoscale data assimilation developments at the Hungarian Meteorological Service, *Időjárás*, Megjelenés alatt.
- McNally A. P., Watts P. (2003): A cloud detection algorithm for high spectral resolution infrared sounders. *Q. J. R. Meteorol. Soc.* 129: 3411–3423.
- McNally AP. (2009): The direct assimilation of cloud-affected infrared satellites radiances for numerical weather prediction. *Q. J. R. Meteorol. Soc.* 135: 1214–1229.
- McNally (2012): The analysis of satellite data, tananyag 1: Basic concept. http://old.ecmwf.int/newsevents/training/meteorological_presentations/2012/DA2012/McNally/McNally_2012_L1.pdf
- Randriamampianina, R. (2001): Műholdak a számítógépes időjárás-előrejelzésben. *Természet Világa*, 132/II. Különszám, 16–21.
- Randriamampianina, R. (2004): Műholdak a korszerű időjárás-előrejelzésben *Technika, műszaki szemle*, 47/11–12, pp. 29–35.
- Randriamampianina R, Iversen T, Storto A. (2011): Exploring the assimilation of IASI radiances in forecasting polar lows. *Q. J. R. Meteorol. Soc.* 137: 1700–1715.
- Vissy, K. (2003): Az időjárás előrejelzése: jóslás, vagy tudomány. *Mindentudás Egyeteme II. szemeszter* (<http://mindentudas.hu/el%C5%91ad%C3%A1sok/szemeszterek/ii.html>)
- WMO (2009): Manual on the Global Telecommunication System – volume I and II, WMO, Genf. 294. p.
- WMO (2011): Manual on the Global Observing System: Volume II – Regional aspects (http://library.wmo.int/pmb_ged/wmo_544-v2-2011_en.pdf)
- WMO (2012): Manual on the WMO Information System WMO-No. 1060 2012 edition (<https://www.wmo.int/pages/prog/www/manuals.html>)
- WMO (2013): Manual on the Global Observing System: Volume I – Global aspects (<https://drive.google.com/file/d/0BwdvC9AeWjUV2dQmISUKpOYm8/edit?usp=sharing>)
- WMO (2013): Manual on the Global Data-Processing and Forecasting System WMO No. 485 (<https://www.wmo.int/pages/prog/www/DPFS/Manual/GDPFS-Manual.html>)

www.termesztetvilaga.hu

Klikkeljen rá!

Viráglátogatási hálózatok

Növények és beporzók intim kapcsolata

A természetben számos példát találhatunk a növények és az őket beporzó állatok közti változatos, sokszor specializálódott kapcsolatra. A kétszikű virágos növények megjelenésével új lehetőségek, addig kiaknázatlan táplálékforrás-formák váltak elérhetővé a rovarvilág számára, új taxonómiai csoportok kialakulását eredményezve, mely aztán a növények további specializálódását vonta magával. Növények és beporzók ily módon kialakult intim kapcsolata a földtörténeti kréta időszak közepétől, mintegy 100 millió évvel ezelőtt jelent meg, de az első beporzáshoz szükséges morfológiai képletek (pollinációs adaptációk) 200 millió évvel ezelőttre nyúlnak vissza [1]. Mára a kétszikű növények több mint 80%-a igényel legalább részben állati beporzást. Köztük van számos termesztett növényfajunk is, továbbá a globális termelés egyharmada, és számos vitamin, tápanyag előállítását állatok közreműködésétől függ a beporzás során [2]. Leggyakrabban rovarokra, így méhekre, egyes légyecsoporthoz tartozókra hárul ez a feladat, de számos madár-, hüllő- és emlősfaj is található a beporzó állatok listáján (1. ábra). A beporzás napjaink egyik legfontosabb kutatott, legnagyobb közérdeklődést kiváltó ökoszisztéma-szolgáltatása. Értjük ezen azon természet adta folyamatokat, javaikat, melyeket az ember (is) közvetve vagy közvetlenül felhasznál, hozzájárulva ezzel mindennapi „jólétünk”, életünk alapjainak biztosításához. És a pollinációra való igény, a beporzótól való függés a mezőgazdaságban, élelmiszerben, a jelek szerint az idők során egyre növekszik [3].

Másfelől azonban a beporzást végző taxonok, így elsődlegesen a méhek esetében több okból is jelentős hanyatlás figyelhető meg az elmúlt évtizedekben, egyesek globális pollinációs krízisről beszélnek. Adatok sok esetben inkább csak a háziméhekről vannak, míg a vadon élő méhfajok helyzete sokszor kevésbé ismert. Mindazonáltal a háziméhecsaládok jelentős, drasztikus csökkenését tapasztalták elsődlegesen az Egyesült Államokban, de számos euró-

pai országban is. A jelenség oka többértű, többek között részben a kolónia-összeomlás jelenségének, részben a téli időjárásnak tulajdonítható. Vadméhek populációs trendjeiben szintén negatív változásokat figyeltek meg több helyütt, főként az intenzív mezőgazdálkodásnak és vegyszerhasználatnak tulajdonítva. Beporzók és virágos növények szoros kapcsolata persze magával vonja kölcsönös hanyatlásuk veszélyét is valamely külső környezeti tényező hatására, ahogy már a földtörténet során több ízben a rovarok diverzitásának csökkenése a virágos növényfajok kihalását eredményezte. A XX. század során is mutatkoznak azonban már kölcsönös diverzitáscsökkenési mintázatok intenzív mezőgazdasági művelés hatására holland és angliai adatok alapján [4, 5].

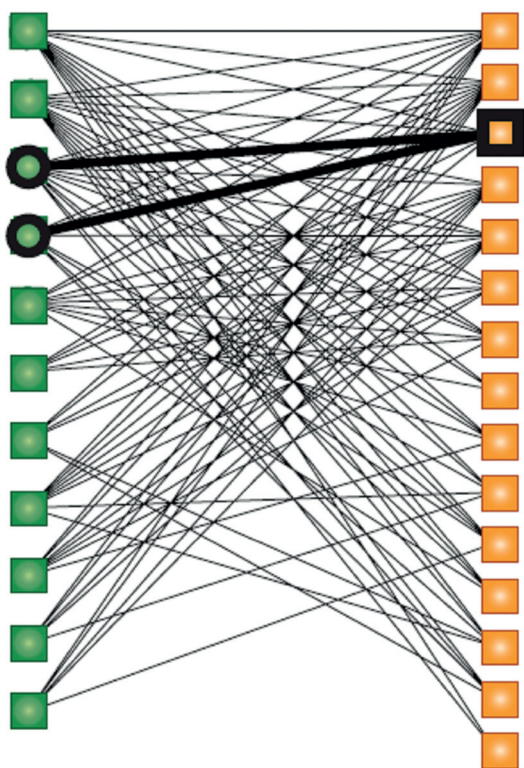
Beporzási hálózatok

Kölcsönös egymásrautaltságról van szó, hiszen a növények magképzése és a beporzók táplálékforrásának biztosítása egyaránt függ a másikkal való találkozástól. Mivel egy adott beporzó faj általában több növényfajt látogat és fordítva, egy adott növényfajnak legtöbbször számos látogatója akad, ezen kapcsolatrendszer igen összetett, bonyolult struktúrát vázol fel. Ennek a kapcsolati hálónak a megértése sok esetben igen fontos, hiszen nélküle nem tervezhetők sikeresen bizonyos természetvédelmi, fajmegőrzési programok, sem megfelelő termesztési technológiák a mezőgazdaságban. A kutatók a XX. század végén ismerték fel, hogy a növény-beporzó hálózatok a hagyományos táplálékláncokhoz hasonlóan vizsgálhatók [6]. Olyan hálózatokról van szó, melyben a résztvevő felek két jól definiált csoportja, növények és beporzók között létesül kapcsolat, de nem a csoporton belüli tagok között (2. ábra). Ábrázolásukra páros gráfot alkalmaznak, mely jól mutatja a kapcsolatok reciprok voltát, és segít ezen bonyolult kapcsolatrendszer megértésében [1]. Az interakcióban lévő feleket, azaz növényeket és beporzókat csúcsok, míg a köztük lévő kapcsolatokat élek szimbolizálják. Egyes hálózatelemzési technikák során a beporzási hálózatok bimodális hálózatszerkezet mellett unimodális hálózatként is ábrázolhatók. Ez esetben a növény-növény, valamint pollinátor-pollinátor közti kapcsolatokat külön értelmezzük, két beporzó közötti kapcsolat alatt egyazon növényfaj látogatását, két növényfaj kapcsolata esetén pedig közös beporzót értve [7].

A gráf szomszédsági mátrixszal írható le, melyben a_{ij} elem értéke 1, ha i növényfaj és j beporzó faj interakcióban áll, míg 0, ha nincs köztük kapcsolat [1]. A pollinációs hálózatok a szomszédsági viszonyok alapján kvantitatív (mennyiségi) és kvalitatív (minőségi) módon is jellemezhetők. Az első esetben a szomszédok száma (fokszám) érzékelteti az egyes felek fontosságát, míg a kvalitatív elemzés során a köztük lévő kapcsolat erősségét is figyelembe vették. Ez a mérőszám megmutatja az adott növény-/beporzó faj egyes beporzóival/növényekkel lévő kapcsolatok függőségeinek összegét. Ez esetben az úgynevezett súlyozott hálózatok két szomszédsági mátrixszal írhatók le, egy a növények (P) és egy a beporzók (A) jellemzésére. Ekkor d_{ij} érték az i növényfaj függőségét vagy a mutualizmus erősségét fejezi ki j beporzóval,

1. ábra. Növények és beporzók sokszínű kapcsolata
(Kovács-Hostyánszki Anikó felvétele)



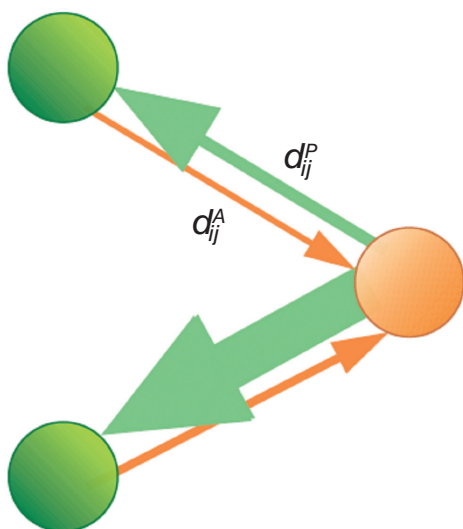


2. ábra. Pollinációs hálózat sematikus képe. Zölddel a növényfajokat, narancssárgával a beporzókat jelöltük. A köztük lévő élek a beporzási kapcsolatokat jelölik (Forrás: Bascompte és Jordano 2007)

d_{ji} pedig a j beporzó i növényfajtól való függőségét adja meg (3. ábra).

A beporzási hálózatokat „kisvilágokként” is jellemzik, más trofikus hálózatokhoz képest ugyanis tagjai sokkal közelebb állnak egymáshoz, kisebbek a hálózatokon belüli távolságok, és a fajok nagyarányban csoportosulnak [7]. Ezekben a hálózatokban sok pollinátor csupán néhány növényfajjal van kapcsolatban, és fordítva, míg mások a véletlenszerűségénél jóval több kapcsolattal rendelkeznek. Az utóbbiak adják a generalisták azon körét, melyek

3. ábra. Növény és beporzó közti kapcsolat erősségének kifejezése súlyozott mátrixban (Forrás: Bascompte és Jordano 2007)



nagyszámú kapcsolataik révén biztosítják a hálózatban a funkcionális ismétlődést (redundanciát), és a rendszer fennmaradását alternatív kapcsolódási lehetőségek által egyes elemek kiesése, azaz egyes növény- és pollinátorfajok eltűnése esetén. Széles kapcsolatrendszerüknek hála, rendszerint nagy egyedszámban vannak jelen, és számuk stabil, kevésbé fluktuál. A hálózat aszimmetrikus, mivel a specialisták általában a leginkább generalista fajokhoz kötődnek. Ez az aszimmetritás viszont nagyban hozzájárul a rendszer stabil működéséhez, mivel az egyik partner egyedszámának csökkenése nem vonja maga után a másik direkt csökkenését. Jellemző továbbá az egymásba ágyazottság, azaz a specialisták olyan fajokkal vannak kapcsolatban, melyekhez a generalisták is kapcsolódnak. A hálózat szerkezete egyaránt fontos meghatározója a közösség fennmaradásának, stabilitásának, és hosszabb időskalon a koevolúciós fejlődésnek [1].

A növények és beporzók közti kapcsolatrendszer módszertanilag különböző mélységben vizsgálható. Terepen végzett megfigyelések és mintavételek alapján közvetlenül létrehozhatók az ún. viráglátogatási hálózatok. Sokkal részletesebbek azonban a pollenalapú hálózatok, melyekhez viszont már az állatok testéről vett pollenminták nagyteljesítményű mikroszkópos, sok időt és magas fokú szaktudást igénylő azonosítása szükséges. Cserébe viszont nemcsak az aktuálisan látogatott növényfajról, hanem az az előtt felkeresett virágokról is információhoz jutunk sokkal teljesebb, részletesebb hálózatokat létrehozva (4–5. ábra) [8].

A hálózat egyes tagjainak fontosságát a hálózat működése szempontjából ún. centralitás indexekkel mérhetjük. Lehetőség van ezáltal például kulcsfajok azonosítására, melyek biomasszájukhoz képest funkcionálisan kiemelkedő fajokat jelentenek. Ezek eltűnése a hálózat komoly sérülését, akár összeomlását okozhatja. A centralitás indexek közül a foksám centralitás (DC) az egyik legegyszerűbb mérőszám, mely egy adott faj közvetlen szomszédjainak számát adja meg, azaz egy növényfaj esetében a beporzói számát, míg a beporzónál az általa látogatott növényfajokat. Egy n elemű hálózatban p_k csúcs normalizált foksám centralitása:

$$DC(p_k) = \frac{\sum_{i=1}^n a(p_i, p_k)}{n-1},$$

ahol $a(p_i, p_j) = 1$, ha i és j szomszédok, egyébként 0. Egy másik fontos mérőszám a topológiai fontosság TI^p és a súlyozott topológiai fontosság WI^p . A foksám centralitással szemben, mely csak a közvetlen szomszédok számáról tájékoztató lokális mérőszám, utóbbi két index megmutatja, hogy melyek azok az elemek, amelyek a hálózat topológiája alapján n távolságra lévő legtöbb fajra vannak hatással. Egy súlyozatlan hálózatban megmutatja, hogy mekkora hatással van i csúcs egy tőle n távolságban lévő j csúcsra. Egy hipotetikus (súlyozatlan) hálózatban egy lépés távolságban $a_{1,ij} = 1/D_j$, így A csúcs hatása B-re $(a_{1,AB})$ $1/3$, ha B három közvetlen szomszédal rendelkezik. Két lépés távolságban egy csúcs indirekt hatása egy másik csúcsra a két benne foglalt direkt kapcsolat hatásának a szorzata, így példánkban A hatása C-re:

$$a_{2,AC} = a_{1,AB} \cdot a_{1,BC} = 1/3 \cdot 1/2 = 1/6.$$

Több útvonal esetén a hatások additívak, azaz $\sigma_{n,i} = \sum_{j=1}^N a_{n,ji}$, ami megadja n lépés távolságra az egyes fajoktól kiinduló összes hatás nagyságát. A fenti összefüggések egy pollinációs rendszerben azt jellemzik, hogy például egy pollinátorfaj egy adott növényfajjal való kapcsolata milyen hatással van az őt beporzó többi viráglátogató rovarfajra, illetve azok tápnövényeire. Páros gráfokon végzett elemzések alapján megállapították, hogy háromnál nagyobb lépéstávolságban lényeges minőségi (kvalitatív) változás nem történik a hálózatban [9, 10].

Tiltott kapcsolatok

A hálózatban azonban nem minden növényfaj és pollinátor között létesül kapcsolat, mivel nem is lehetséges minden esetben. Közlebről megfigyelve az egyes fajok közti kapcsolatrendszer, úgy-

nevezett tiltott linkekre bukkanhatunk. Ezek olyan párosításai a virágnak és beporzónak, mely például morfológiai okokból nem valósulhat meg, mivel például a beporzó rovar szájszerve nem elég hosszú a tölcéses virág alján lévő nektár eléréséhez, így kellő motiváció híján nem is fecserli energiáját ezen virágok látogatására. De növény és beporzó napszakos vagy évszakos megjelenésében vagy aktivitásában lévő különbség is a beporzási kapcsolatot kizárásával jár [1].

Veszélyforrások

A beporzási rendszereket, mind a növényeket, mind a pollinátorokat, számos veszély fenyegeti, gondolva akár a táji léptékű homogenizációra, azaz értékes élőhelyek elvesztésére például a terjeszkedő monokultúras mezőgazdasági tájban. De hasonló veszélyekkel fenyegetnek a mezőgazdaság által használt gyomirtó és rovarölő szerek, az inváziós fajok terjedése, vagy akár a klímaváltozás okozta időjárási változások [4]. Az inváziós fajok a kutatások szerint sikeresen integrálódnak a pollinációs hálózatokba is. Inváziós növényfajok a tapasztalatok szerint főként a generalista beporzók által látogatottak, míg egyes eredmények szerint az idegenhonos beporzók sokkal szorosabban kötődnek idegenhonos, invazív növényfajokhoz, mint az őshonos flóraellemekhez [1].

A klímaváltozás egyik fő következménye a hőmérséklet változása, a sokat emlegetett globális felmelegedés lehet. Az elmúlt évszázad tapasztalatai alapján ez számos esetben a növények korábbi virágzását, a beporzó rovarfajok korábban kezdődő repülési aktivitását vonta magával [11] Celsius-fokonként átlagosan négy nappal a mérsékelt övben. Egyes tanulmányok szerint a növények és rovarok elterjedésében és életciklusában nagy változás történt időben és térben; száz évenként átlagosan 2,3 nappal előbb virágoznak a növények, és elterjedésük is eltolódott 6,1 kilométerrel a sarkok felé. A megfigyelések szerint a rovarporozta növények sokkal érzékenyebben reagálnak a klimatikus változásokra, mint a szélporozta fajok, és a kora tavasszal nyílóak a legérzékenyebbek. A növények virágzási idejét az adott hónap átlaghőmérséklete, vagy az azt megelőző hónapok hőmérséklete határozza meg. A virágzás kezdete és a hőmérséklet emelkedése eddig a legtöbb esetben lineáris összefüggést mutatott, de ez természetesen nem folytatód-

4. ábra. A poszméhek szerepe néhány virágos növény fennmaradása szempontjából kiemelten fontos (Kalotás Zsolt felvételei)



5. ábra. A virágport és nektárt fogyasztó bogarak (képünkön: pettyes hólyaghúzó bogár) is részt vesznek a virágok megporzásában

hat így határok nélkül. Emellett pedig a csapadék mennyisége, a talaj nedvességtartalma, a fényviszonyok is befolyásolják a növény életciklusát, virágzásának időzítését. Mivel a rovarok életciklusát sok szempontból szintén a hőmérséklet szabályozza, hasonló mintázatot várhatnánk, mint a növények esetében. Elsősorban az arktikus és magashegységi területek lehetnek kritikusak ebből a szempontból. Lepkékre léteznek hosszú távú adatsorok, melyek szerint Európa-szerte első megjelenésük az év során erősen összefügg az aktuális, és az adott hónapot megelőző időszak hőmérsékletével. De hasonló előretolódást figyeltek meg a háziméh megjelenésében Spanyolországban is az elmúlt ötven évben [11].

Az egyes fajok válaszureakciója azonban ezen klimatikus változásokra eltérő lehet, és szélsőséges esetben időbeli aszinkronitást hozhat létre növények és beporzók között, a növény fenológiai változásai, így például a virágzás időpontjának eltolódása vagy a beporzók életciklusában bekövetkező változások miatt [11,12]. Ez pedig a pollinációs hálózat tagjait kedvezőtlenül befolyásolhatja, a hálózat átrendeződéséhez vezethet. Beporzási hálózatokra és a klimatikus változások kiváltotta potenciális aszinkronitás következményeire Magyarországon is folynak kutatások. Az MTA Ökológiai Kutatóközpont Lendület Ökoszisztéma Szolgáltatás Kutatócsoportja részben a Lendület program keretében az erdélyi tradicionális művelésű agrártájak beporzási hálózatait, részben OTKA NN101940 pályázata révén a klimatikus viszonyok változásának almafa beporzására gyakorolt hatásait kutatja. ✨

Irodalom

- [1] Bascompte, J., Jordano, P. 2007. Plant-Animal Mutualistic Networks: The Architecture of Biodiversity. *ANNU REV ECOL EVOL S* 38: 567–93.
- [2] Klein, A.-M., Vaissière, B. E., Cane, J. H., Steffan-Dewenter, I., Cunningham, S. A., Kremen, C., Tscharntke, T. Importance of pollinators in changing landscapes for world crops. *PROC R SOC B* 274: 303–313.
- [3] Aizen, M. A., Garibaldi, L. A., Cunningham, S. A., Klein, AM. 2009. How much does agriculture depend on pollinators? Lessons from long-term trends in crop production. *Ann Bot* 1–10.
- [4] Potts, S. G., Biesmeijer, J. C., Kremen, C., Neumann, P., Schweiger, O., Kunin, W. E. 2010. Global pollinator declines: trends, impacts and drivers. *TRENDS ECOL EVOL* 25: 345–363.
- [5] Biesmeijer, J. C., Roberts, S. P. M., Reemer, M., Ohlemüller, R., Edwards, M., Peeters, T., Schaffers, A. P., Potts, S. G., Kleukers, R., Thomas, C. D., Settele, J., Kunin, W. E. 2006. Parallel Declines in Pollinators and Insect-Pollinated Plants in Britain and the Netherlands. *Science* 313: 351–354.
- [6] Memmott, J. 1999. The structure of a plant-pollinator food web. *ECOL LETT* 2: 276–280.
- [7] Olesen, J. M., Bascompte, J., Dupont, Y. L., Jordano, P. 2006. The smallest of all worlds: Pollination networks. *J THEOR BIOL* 240, 270–276.
- [8] Alarcón, R. 2010. Congruence between visitation and pollen-transport networks in a California plant-pollinator community. *Oikos* 119, 35–44.
- [9] Jordán, F., Liu, W.-C. 2003. Quantifying the importance of species in a host-parasitoid community. *COMMUNITY ECOL* 4, 79–88.
- [10] Jordán, F., Liu, W.-C., Davis, A. J. 2006. Topological keystone species: measure of positional importance in food webs. *Oikos* 112, 535–546.
- [11] Hegland, S. J., Nielsen, A., Lázaro, A., Bjerknes, A.-L., Totland, Ø. 2009. How does climate warming affect plant-pollinator interactions? *ECOL LETT* 12: 184–195.
- [12] Memmott, J., Craze, P. G., Waser, N. M., Price, M.V. 2007. Global warming and the disruption of plant–pollinator interactions. *ECOL LETT* 10: 710–717.

Mindennapi kenyér – hétköznapi hálózat

Az élelmiszerlánc mint komplex rendszer

Kedves Olvasó, ugye tudta, hogy Ön is része az egész bolygót behálózó, állatokat, növényeket és más élőlényeket is tartalmazó, igen összetett hálózatnak? Mivel Ön is szokott enni, minden bizonnyal érdekelni fogja, hogy mi kerül be szervezetünkbe az élelmiszerek útján, hogyan áll ez kapcsolatban a biológiai-kémiai természeti világgal, és talán arra is kíváncsi, hogy mire és hogyan használhatjuk a hálózatkutatókat mint az összetettséget megragadó egyik módszertant.

A biztonságos élelmiszerek, a betegségek-től mentes, egészséges növények, állatok iránti igény egyidős az emberiséggel, és ezt az igényt változatos módon és mértékben sikerült kielégíteni, illetve rövidebb-hosszabb ideig fenntartani a történelem folyamán. Az elmúlt évszázadokban, évtizedekben sok mindent elértünk, a legtöbb növény- és állatbetegségtől mentesítettük állományainkat, a legsúlyosabb, akár halálos, élelmiszer-eredetű megbetegedéseket mára sikerült szinte teljesen megelőzni. Ma már megszokottá vált, hogy az évszázadoktól, földrajzi előfordulástól függetlenül széles választékban minden élelmiszer és élelmiszer alapanyag beszerezhető Magyarországon. Hazánk – az Európai Unió tagjaként – világviszonylatban azon szerencsés országok közé tartozik, ahol az élelmiszerlánc-biztonság igen magas színvonalú.

Ennek ellenére az élelmiszerlánc-biztonság kérdése világszerte az érdeklődés előterében van. A WHO becslése szerint az élelmiszer-fogyasztással összefüggésbe hozható megbetegedések száma az egész világon folyamatosan emelkedik, az iparilag fejlett országokban is a lakosság 30%-át érinti évente (WHO, 2002). Az élelmiszer-fogyasztással kapcsolatos veszélyeztetettség új dimenzióba lépett, a kockázat globális-sá vált. A Földünk bármely pontján előállított termékek rövid idő alatt bármely országba és az általuk közvetített kórokozók vagy szennyező anyagok bármelyikünk szervezetébe belekerülhetnek, a már ismert, gyakran előforduló megbetegedések mellett új típusú élelmiszerlánc-biztonsági veszélyek is megjelentek.

Egy csodálatosan összetett rendszer: az élelmiszerlánc

Élelmiszereink nagy többsége és környezetünk döntő része élő anyag, melynek sajátossága a folyamatos változás – emberi beavatkozás révén vagy anélkül. E csodálatosan változó világ ráadásul méreteit tekintve is érdekes: a nanoméretű anyagoktól a vírusokon és baktériumokon át az egész Földet behálózó kereskedelmi hálózatok mintázatáig terjed vizsgálódásunk. Csak példaként: jelenleg a világon megtermelt minden második élelmiszer exportálásra kerül, és ez az arány várhatóan tovább növekszik; magyar kutatók kimutatták (Ercsey-Ravasz és mtsai, 2012), hogy a világ élelmiszerkereskedelme gyorsabban nő, mint a termelés. Azonban az általános érzékeléssel szemben a globalizáció jelenleg közel sem teljes. Valójában éppen csak elkezdődött ez a folyamat, és a világunk sokkal inkább lokális, mint globális: mind a személyes, mind az üzleti kapcsolatok még mindig inkább a közvetlen környezetünkben jönnek létre (Pankaj, 2012). A trendek egyértelműek: a világ lakosságának növekedésével a globalizációs folyamatok további erősödése és az élelmiszerlánc bonyolultságának növekedése várható.

Az élelmiszerlánc-tudomány ráadásul az egyik leginkább multidiszciplináris terület, szinte minden természet- és társadalomtudományi területhez rengeteg szállal kapcsolódik: a nyilvánvaló kapcsolatokon (biológia, kémia, fizika, matematika, alkalmazott élettudományok) túl olyan területekre is merészkedik, mint például a földtudományok, a közgazdaságtan, szociológia, pszichológia, logisztika és számítástudomány. Az élelmiszerlánc területén nap mint nap olyan hatalmas mennyiségű adat és információ keletkezik, melyek feldolgozása (de akár csak felfogása is) a szokásos módszerekkel gyakorlatilag lehetetlen.

De mi is az az élelmiszerlánc? Miért nem csupán élelmiszerekről beszélünk?

Az élelmiszerlánc (és az élelmiszerlánc-biztonság) egy alig pár éves-évtizedes fogalom, többfajta meghatározása született

már. Az élelmiszerlánc: az élelmiszerre közvetlen vagy közvetett hatással járó tevékenységek, termékek és szereplők összetett rendszere (Élelmiszerlánc-biztonsági Stratégia 2013–2022). Vizsgáljuk meg, hogy vajon az élelmiszerlánc több-e az öt alkotó termékek és folyamatok összességénél. Ennek jobb megértését szolgálhatja Örkény István egyperces novellája:

„Ha sok cseresznyepaprikát madzagra fűzünk, abból lesz a paprikakoszorú.

Ha viszont nem fűzzük fel őket, nem lesz belőlük koszorú. Pedig a paprika ugyanannyi, éppoly piros, éppoly erős. De mégse koszorú.

Csak a madzag tenné? Nem a madzag teszi. Az a madzag, mint tudjuk, mellékes, harmadrangú valami.

Hát akkor mi?

Aki ezen elgondolkozik, s ügyel rá, hogy gondolatai ne kalandozzanak összevissza, hanem helyes irányban haladjanak, nagy igazságoknak jöhet a nyomára.”

(Az élet értelme)

És valóban, az élelmiszerlánc felfogható egy igen bonyolult és összetett hálózatnak is, melynek önmagában, hálózatként is vannak vizsgálható tulajdonságai: struktúrája, összetettsége, sérülékenysége, veszélyes anyagok vagy megbetegedések terjedési sebessége mind, mind a hálózat „saját” tulajdonságai, azaz nem következnek, nem vezethetők le csupán a hálózatot alkotó termékek, folyamatok összességéből. Mindezek alapján az élelmiszerlánc nemcsak az azt alkotó szereplőkből, az általuk végzett tevékenységekből és a létrejövő termékekből áll, hanem fontos a közöttük lévő szövevényes kapcsolatrendszer is.

A folyamatosan és gyorsan változó élelmiszerláncot rengeteg – egymásra is ható – tényező alakítja. Így a jelenlegi előrejelzéseink szerint, a jövőben az európai élelmiszerlánc-biztonságra az alábbi mozgatórugók, kihívások lesznek hatással (European Commission, 2013):

– globális kereskedelem és gazdasági fejlődés;

- globális együttműködés és szabványosítás (standardizálás), a magánszektor élelmiszerstandardjainak növekvő jelentősége, multipoláris világ kialakulása;
- uniós kormányzás;
- demográfiai és társadalmi kohézió, népességnövekedés, társadalmi egyenlőtlenségek, előregedő társadalmak;
- fogyasztói attitűd- és viselkedésváltozás;
- új élelmiszerlánc-technológiák;
- verseny a kulcsforrásokért (akár a fosszilis energiahordozókra, akár az ivóvízre is gondolhatunk);
- klímaváltozás;
- növekvő számú élelmiszerlánc-kockázatok (zoonózisok, környezetszennyezés) és katasztrófák (biológiai terrorizmus, szabotázs);
- újabb agrár-élelmiszerlánc-struktúrák megjelenése, helyi, regionális és alternatív élelmiszerláncok jelentőségének növekedése.

Bonyolult problémák megoldásának eszköze: számítástudomány

Világosan látszik, hogy bizonyos összetettség fölött szinte lehetetlen egyszerűen és

lényegre törően látni és láttatni a problémákat és lehetséges megoldásaikat. A keletkező nagy mennyiségű, egymással összefüggő adathalmazok kezelésének és értelmezésének igénye új tudományterületek születését váltotta ki, melyek közös jellemzője, hogy megfelelő (számítástudományi) eszközökkel olyan törvényszerűségeket lehet kimutatni, amelyeket kisebb adathalmazból nehéz vagy lehetetlen. Ezek sokszor meglepőek, sőt, akár a „szakmai” megérzéseinkkel ellentétesek is lehetnek (Baranyi és mtsai, 2013). Az ilyen váratlan és nehezen megjósolható „kirajzolódó mintákat” (emergent patterns) keressük: összefüggéseket, mintázatokat próbálunk meg feltárni, melyek segítenek megragadni e bonyolult rendszer lényegét. De miért is jó ez? Mire lehet használni?

A komplex hálózatok kutatása a XX. század végén vált különösen intenzívvé. E kutatások során – meglepő eredményként – kiderült, hogy a természetben előforduló, önszerveződő hálózatok struktúrája és fejlődése sok hasonlóságot mutat, függetlenül attól, hogy mit reprezentálnak. Az ilyen hálózatok közös tulajdonsága, hogy a véletlen hibákkal szemben rendkívül ellenállóak, viszont a nagyobb csomópontokat kiválasztva a hálózaton belül célzottan kiszakítva

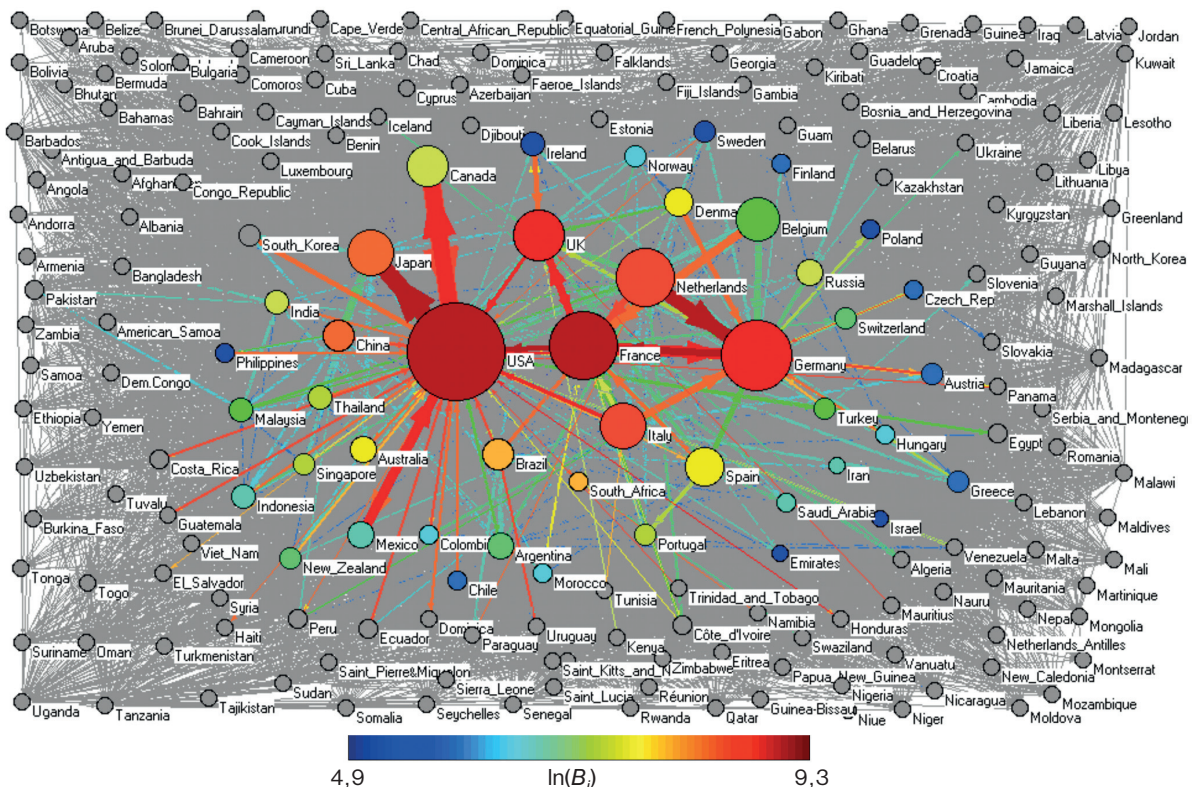
a hálózat megszűnik létezni, és több, izolált, kis hálózatra esik szét. Ennek a ténynek különös jelentősége lehet, ha a bioterrorizmus, az élelmiszer-terrorizmus vagy csupán a szándékos károkozás megelőzését, kivédését célozzuk meg.

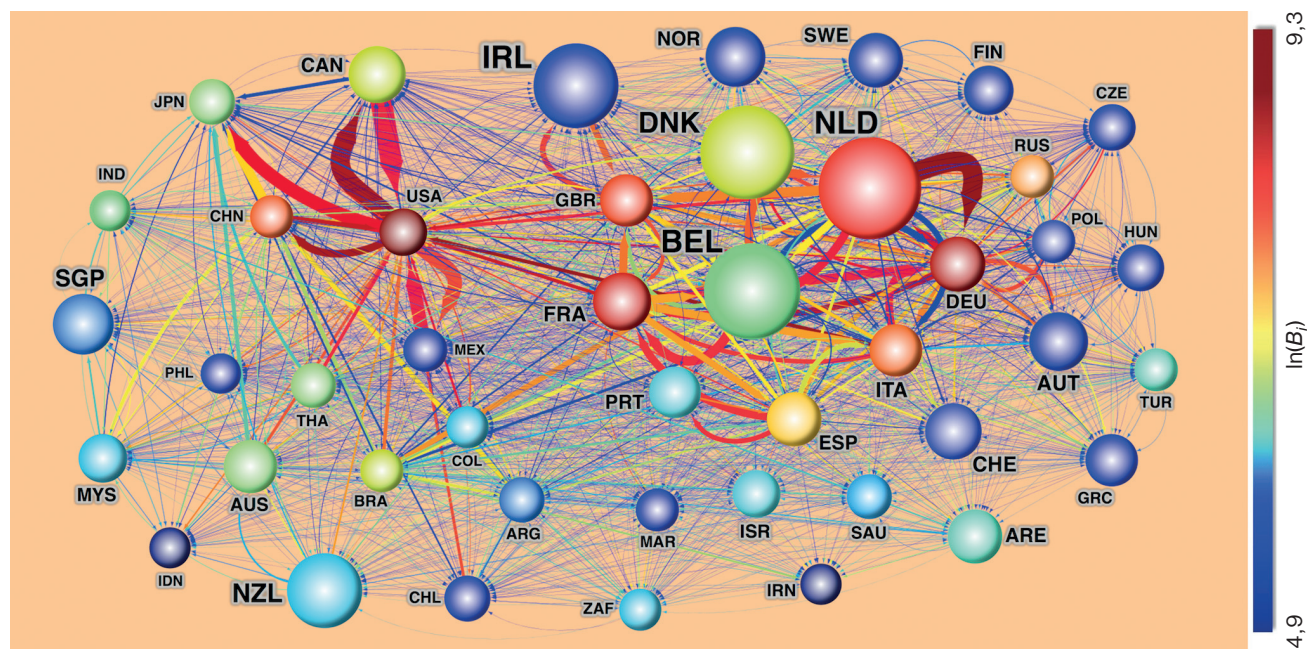
A hálózatok kutatás (és tágabb értelemben a számítástudomány) felhasználása emellett a nyilvánvaló alkalmazás mellett igen sokrétű lehet, de most – az egyszerűség kedvéért – csak kettőt emelnék ki. Az élelmiszerláncot vizsgálók alapvető feladata az élelmiszerláncban zajló folyamatok pontosabb követése, megismerése, feltérképezése annak érdekében, hogy egyrészt képesek legyünk a bekövetkezett élelmiszerlánc-események pontos okának, forrásának felderítésére, *nyomon követésére*, másrészt – és ez a fontosabb és előremutatóbb –, hogy képesek legyünk *előre jelezni* a különböző ágensek felbukkanását, terjedését, a kritikus helyeket, termékeket, vállalkozásokat.

Nyomon követés

Mivel az élelmiszerlánc egyre bonyolultabbá válik, így a termékek útja egyre nehezebben követhető nyomon. Miközben egyre koncentráltabb az élelmiszer-előállítás,

1. ábra. A teljes nemzetközi agrár-élelmiszer kereskedelmi hálózat 1998-ban. A hálózat a jelentett export-adatokon alapul. A 44 legjelentősebb összesített kereskedelmi országot (import+export), valamint a 300 legnagyobb kereskedelmi fluxust a betweenness centrality értékek alapján színesen ábrázolták, a többi ország és él szürke. A csomópontok mérete arányos a teljes kereskedelmi aktivitás logaritmusával. Az élek vastagsága az adott irányba történő kereskedelmi áramlás logaritmusával arányos. A hálózat struktúrája azonos volt az 1998 és 2008 közötti időszakban, bár a hálózaton szállított összes élelmiszer-tömeg több mint kétszeresére nőtt





2. ábra. A 44 legnagyobb kereskedelmű ország hálózata 2007-ben.

A 44 legjelentősebb összesített kereskedelmű országot (import+export), valamint az ezekhez tartozó éleket a betweenness centrality értékek alapján színesen ábrázolták. Az élek vastagsága az adott irányba történő kereskedelmi áramlás logaritmusával arányos. A csomópontok mérete ezen az ábrán az egy agrár-főre vetített kereskedelmi aktivitás logaritmusával arányos

az egyes alap-, adalék-, és csomagolóanyagok olyan specializált termelőktől származhatnak, amelyek egymástól és fogyasztóiktól is kontinensnyi távolságban működnek. Az élelmiszerek és más termékek a fejlett logisztikai rendszerek és a mindinkább globálissá váló nemzetközi kereskedelmi szabályozás segítségével egyre gyorsabban jutnak el a világ legkülönbözőbb tájaira, sokszor ráadásul ezek kereskedelme az interneten zajlik, tovább nehezítve a nyom követést. Mindezek eredményeképpen egyetlen szándékos vagy véletlen szennyezés esetén a következmények ma már sokszor több ország lakosságát veszélyeztetik.

Az áruk és a személyek korábban nem ismert intenzitását, és csak a hálózatkutatás legfejlettebb eszközeivel kutatható mozgása minden valószínűség szerint jelentős, de ma még nehezen értékelhető hatással járhat az élelmiszerlánc-biztonságára. Ezek olyan újszerű, tömeges, gyors és jelentős távolságokra kiterjedő helyváltoztatással járó jelenségek, amelyek az emberiség történetében korábban nem voltak ismertek, és amelyek minden bizonnyal hozzájárulnak a kórokozók és szennyező anyagok világméretű terjedéséhez, így tömeges, akár globálisan jelentkező mérgezés, illetve járvány veszélyével fenyegetnek.

Előrejelzés

Az élelmiszerláncban tevékenykedők (akár az érintett vállalkozásokat nézzük, akár a

hatóságokat, kutatókat) mind szeretnék előre jelezni a lehetséges problémákat, ezek terjedését, hatását. Ez az előrejelző munka egyre fontosabb lett az utóbbi időszakban, hiszen az élelmiszerlánc biztonságához és minőségéhez való hozzáállásunk sokat változott az elmúlt évtizedekben. A végtermék ellenőrzésére koncentrált megközelítést világszerte felváltotta az egész folyamatot felügyelő, megelőző jellegű hozzáállás. Ennek lényege, hogy akár egy konkrét termék gyártásának folyamatát (egy vállalkozás szintjén), akár az egész élelmiszerláncot (hatósági vagy kutatási szempontból) vizsgálni, elemezni kell, majd ennek eredményeképpen meghatározott különböző kockázatokat még azelőtt kezelni kell, mielőtt azok előfordulnának. Ez a sokkal inkább rendszerszerű megközelítés hatékonyabb működést tesz lehetővé: sokkal kevesebb nem megfelelő (biztonságú vagy minőségű) termék keletkezik, illetve az esetleges problémák is sokkal gyorsabban kezelhetők.

Hálózatzemléti szempontból gyakorlatilag ez nem jelentene mást, mint a hálózatkutatási eszközök segítségével kontrollálni az élelmiszer-hálózatot, azaz hatékonyan megtalálni a kontrollpontokat egy végtelenül bonyolult rendszerben, és még az előtt beavatkozni (például az ellenőrzések intenzitásának fokozásával, szabályozók bevezetésével), mielőtt nagyobb hatású esemény bekövetkezne. (Index.hu, 2015.)

Természetesen egy ilyen alapelvek mentén működő rendszer működtetése renge-

teg adatot, tudást és elemzési képességet igényel. És míg a hagyományos kockázatbecslés (FAO/WHO, 2007) is már sokszor nehéz elemzési feladatok elé állította a vállalkozásokat, kutatókat, felügyelő hatóságokat, addig a jelenlegi, sok adatot produkáló, egyre inkább globalizálódó, igen intenzív élelmiszer-előállítás és -kereskedelem még több ilyen jellegű képességet kíván.

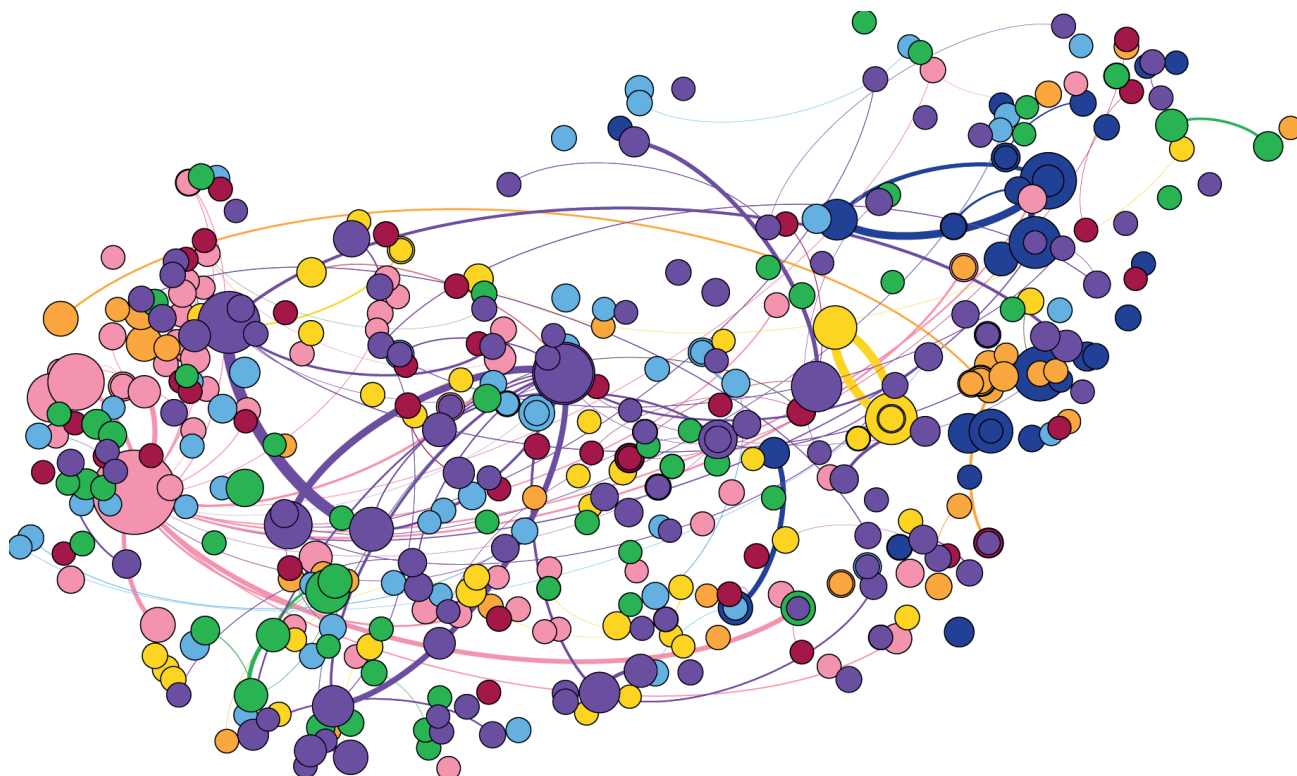
Komplex hálózatok élelmiszerláncal kapcsolatos elemzésekben

Országok hálózata

Az élelmiszerláncot érintő hálózatzemléti megoldások közül kiemelve a nyomon követésre és előrejelzésre összpontosítókat, kezdjük a legátfogóbbakkal!

Az egyik első hálózatkutatási alkalmazás ezen a területen az egymással kereskedelmi kapcsolatban lévő országok elemzését célozta. Az európai élelmiszer- és takarmánybiztonsági gyorsriasztási rendszerben (RASFF)¹ a riasztást bejelentő és a nem megfelelő terméket előállító országok hálózatát Petrőczy és munkatársai (2010) elemezték. A szerzők a riasztási megfigyelésekből és azok hálózattudományi módszerekkel történő elemzéséből mintázatokra következtettek, és a modellt előrejelzésre is felhasználták.

¹ Rapid Alert System for Food and Feed (<http://ec.europa.eu/food/safety/rasff/>)



3. ábra. Magyarországi szarvasmarha-tenyészetek kapcsolati hálózata 2011–2012. Az eltérő színek a modularitás alapján egy osztályba tartozó csoportokat jelölik

Az országok közötti kereskedelemre vonatkozóan jelenleg több, bárki számára hozzáférhető adatbázis is létezik, ilyen például az ENSZ által gondozott Com-Trade² adatbázis. Ennek felhasználásával Ercsey-Ravasz és mtsai (2012) kimutatták bizonyos országok átlagosnál nagyobb felelősségét a biztonságos élelmiszer-kereskedelemben. A tanulmány az élelmiszer-áramlást országok mint hálózati pontok között, USA dollárban mérte. A pontok nagysága az ország élelmiszerkereskedés-értékével (import + export) volt arányos, az élek vastagsága pedig az illető két ország közötti élelmiszer-áramlás (fluxus) nagyságával (1–2. ábra).

Ezen elemzés során megállapítható volt például, hogy a holland–német határon átmenő élelmiszerek esetében (ahol a „központosság”³ mértéke a legnagyobb volt), ha azokban fertőzöttség/szennyezettség fordul elő, nagy késedelem várható a megbetegedés eredetének kiderítésében. Erre jó példa volt a 2011. júniusi *E. coli* (STEC) O104:H4 -fertőzés Németországban, ahol több hét telt el az első megbetegedések megjelenése és a fertőzési forrás azonosítása között.

A kereskedelmi áramlások elemzése a továbbiakban a „központiságot” és az országok specifikus forgalmát⁴ együtt vizsgálta. Kiderült, hogy a holland agrár-élelmiszer populációnak van a legnagyobb felelőssége az élelmiszerek közvetítésében. Ők azok, akikhez érkező, illetve akik által termelt/feldolgozott élelmiszer nagy valószínűséggel sok országot érint. Ez fontos információ a nemzetközi élelmiszer-kereskedelem felügyelete, szabályozása, az abban dolgozók képzése és a ráfordított költségek meghatározása szempontjából. Ez az eredmény korábban csak sejthető volt, és annak objektív, kvantitatív kimutatásához hálózattudományi módszerek voltak szükségesek. Érdemes megjegyezni, hogy a legutóbb Nagy-Britanniában kirobbant „lőhúsbotrány” ugyancsak igazolta a cikk azon konklúzióját, hogy a nyomon követés egyre nehezebb lesz, és bizonyos országok kulcsszerepet fognak benne játszani.

Vállalkozások hálózata

Az élelmiszerlánc hálózatos elemzése kezdetben országokat célt, hiszen ilyen jellegű publikus kereskedelmi adatok voltak elérhetők. Azonban látni kell, hogy valójában a kapcsolatok egyes vállalkozások között jönnek létre, és ezek feltérképezéséhez elméletileg rengeteg adat létezik. A vállalkozások ugyanis kötelesek a vásárolt alapanyagokat, termékeket, illetve az eladott áru-

kat nyilvántartani. Jelenleg azonban nincs kötelezettség sem belső nyomon követésre (azaz, hogy pontosan melyik alapanyagból melyik termék készült), sem pedig elektronikus adatbázisok használatára, így bár világszerte potenciálisan hatalmas mennyiségű elemezhető adat állna rendelkezésre, ennek a hálózatnak a felderítése (pontosabban: a megfelelő adatgyűjtés) hatalmas korlátokba ütközik. Kíváncsú lenne a jövőben ilyen irányú kutatások és fejlesztések indítása, az adatok adatbázisrendszerekben történő gyűjtése, a különböző adatgazdák (kutatóintézetek, egyetemek, laboratóriumok, vállalkozók, hatóságok és egyéb ellenőrző szervezetek) közötti adatcsere, közös adatgyűjtés, valamint az adatbázisrendszerek ontológiájának egyeztetése, azok kompatibilissé tétele.

Járványügyi előrejelzések

Szerencsére vannak területek, ahol ilyen, vállalkozás-szintű adatok rendelkezésre állnak. Ezek leggyakrabban állatállományok nyilvántartásához köthető adatbázisok, melyek a fertőzött állatok szállításából eredő vírus vagy baktérium eredetű járványok elemzésére is kitűnően használhatók. Egy német kutatócsoport (Lentz és mtsai, 2011) egy publikációban – miután feltérképezték a sertések szállítási útvonalát – ki tudott mutatni olyan gócpontokat, ahol a kereszt-fertőzés valószínűsége nagyobb, ezért azokra különös figyelemmel kell lenni. Az

² <http://comtrade.un.org/db/>

³ Egy csomópont vagy él „központisága” (betweenness centrality): hány bármely két másik pont közötti legrövidebb útvonal megy át a kérdéses ponton/élen.

⁴ Specifikus forgalom: az egy agrár-főre (az agrár- és élelmiszeriparban és -kereskedelemben dolgozók) jutó import-export mennyiség.

ellenőrzéseket tehát oda kell összpontosítani, és a preventív intézkedéseknek is várhatólag ott lesz a legnagyobb, az egész hálózatra kiterjedő hatása.

A sertés-adatokhoz képest sokkal részletesebb, egyedi adatokat tartalmazó szarvasmarha-adatbázisok segítségével egy olasz kutatócsoport (Bajardi és mtsai, 2012) dolgozott ki hálózatkutatáson alapulóan egy kockázatbecslési, élelmiszerlánc-felügyeleti módszertant, mellyel a szarvasmarhák mozgásának elemzésével lehetséges előrejelzéseket tenni a legkritikusabb állattartó-telepekre. Hasonló próbálkozások már a Nemzeti Élelmiszerlánc-biztonsági Hivatal (NÉBIH) elemzéseiben belül is születtek. A 3. ábrán a hazai szarvasmarha-állományok és tényezők egymással való kapcsolódása látható.

Vállalkozások és fogyasztók egymásba ágyazott hálózata

Nyilvánvaló, hogy a hálózatelmélet további fontos alkalmazási területe lehet az élelmiszer eredetű humán megbetegedések epidemiológiai vizsgálata is. Kellően nagyszámú adat elemzésével előrejelzéseket lehet készíteni a megbetegedést legnagyobb valószínűséggel előidéző élelmiszerek, országok, vállalkozások vagy a veszélyeztetett populáció, illetve akár konkrét személyek tekintetében.

A fogyasztók egymással való kapcsolatait megfigyelve (mobiltelefon-adatok, facebook, twitter követések stb.) szociológiai hálózatok rajzolhatók fel. Ezeket a nagyméretű adatbázisokat már ma is felhasználják epidemiológiai modellezésre: Broniatowski és mtsai, (2013) twitter-adatok elemzésével igen korán, igen pontos képet kaptak humán influenzajárvány terjedésével kapcsolatban. Ezen elemzési módszerek jelenleg kidolgozás alatt állnak, és pontosításra szorulnak, azonban igen jól mutatják a publikus adatbázisokban rejlő lehetőségeket.

Látni kell azonban, hogy ezekben a modellekben emberről emberre terjedő kórokozók dolgoznak. Az élelmiszerláncban problémát okozó ágensek ritkán ilyenek, inkább élelmiszerről emberre terjednek, így ezen korábbi modellek nem alkalmazhatók közvetlenül. Voltaképpen itt egymásba ágyazott hálózatok vannak: vállalkozók-vállalkozók, vállalkozók-fogyasztók és fogyasztók-fogyasztók közti kapcsolatok léteznek egymásba ágyazottan, így ezen a területen módszertani fejlesztésre (és adatgyűjtésre) is szükség van. De a helyzet nem reménytelen: a korábban említett német E. coli járvány retrospektív elemzésében német kutatók (Wilking és mtsai, 2012) kimutatták, hogy fejlettebb számítástudományi ismeretekkel, adatbányászattal a különféle fizetési dokumentumokban fellelhető adatok segíthettek volna hamarabb felderíteni a veszélyt.

Szándékos cselekmények és összetett problémák

Az eddig ismertetett elemzési módszertanok általában a hagyományos élelmiszerlánc-biztonsági hatósági vagy vállalkozói felügyeleti munkát segítik. Ez a terület alapvetően természettudományos alapokon nyugszik, és a fizikai, kémiai vagy biológiai ágensek előfordulását próbálja meg természettudományos szabályok mentén előre jelezni. Létezik azonban emellett egy másik fontos tényezőcsoport, mely az elemzéseinket teljesen más irányba fordítja: az ember által elkövetett szándékos cselekmények. Ezek esetében más motiváló tényezők játszanak igen fontos szerepet (és így az elemzések is más végeredményre vezetnek): ez már a gazdasági elemzések, pszichológia, szociológia területe. A szándékoság tetten érhető az élelmiszerláncokkal kapcsolatos hamisítások, csalások területén, de a szabotázs- vagy terrorista cselekmények esetében is.

Természetesen itt más-más tényezők komplex összefüggésrendszerét is érdemes lenne még feltárni, így például a klímaváltozás közvetlen hatására esetlegesen felbomló kereskedelmi hálózatok mellett, a klímaváltozásnak nem elhanyagolható a gazdasági-társadalmi szerepe sem: a víz- és erőforráshiány kapcsán megnő a szándékosan ártó cselekmények valószínűsége. Az ezekre vonatkozó predikciók sokat segítenének mind a probléma feltárásában, mind a megoldásában.

Következtetések

Az élelmiszerlánc csodálatos és bonyolult rendszere egy sor egyéb, hálózatkutatási módszerekkel feltárható kutatási területhez is kapcsolódik. Nem beszéltünk most arról, hogy az emberi mikrobiom⁵ (az emberi testet alkotó sejtekkel együtt) bonyolult hálózatot alkot, és ez a rendszer összefüggésbe hozható több, élelmiszer- vagy táplálkozás-eredetű megbetegedéssel. Arról sem ejtettünk szót, hogy az élelmiszeripar által „használt”, vagy akár az élelmiszer eredetű megbetegedéseket okozó mikroorganizmusokban zajló biokémiai folyamatok is intenzív hálózatkutatás tárgyát képezik. Mint ahogy jelen cikkben nem tértünk ki olyan érdekes, a gasztronómiai tárgykörbe tartozó kutatásokra, mint például az egyes alapanyagok és összetevőik egymással való kapcsolata különböző nemzetek konyhájában (Ahn és mtsai, 2011), segítve megérteni, hogy mely összetevőket miért használunk együtt főzés során, másokat meg nem.

Kürti Miklós magyar fizikus *The Physicist in the Kitchen* címmel 1969-ben a Royal Society of London előtt tartott elő-

adásában azt mondta: „...úgy gondolom, hogy civilizációnkról szomorú képet mutat, hogy képesek vagyunk megmérni, és meg is mérjük a Vénusz légkörének hőmérsékletét, de nem tudjuk, mi történik a rizsfelfűjt belsejében.” Ma ennél jobb már a helyzet, az élelmiszer-tudósoknak (és nemkülönben a molekuláris gasztronómusoknak) köszönhetően pontosan tudjuk, mi történik élelmiszereink belsejében előállításuk során. Most már csak azt kellene tudni, mi történik velük, illetve az alapanyagul szolgáló összetevőikkel az egész hálózatban. Ha már mindenki eszik. ✎

Irodalom

- Ahn, Yong-Yeol, Ahnert, S. E., Bagrow, J. P., Barabási A. L.: Flavor Network and the Principles of Food Pairing. *Scientific Reports*. 1, 196, DOI: 10.1038/srep00196. (2011)
- Bajardi, P., Barrat, A., Savini, L., & Colizza, V.: Optimizing surveillance for livestock disease spreading through animal movements. *Journal of the Royal Society Interface the Royal Society*. (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/22728387>). (2012)
- Baranyi J, Józsviak Á, Varga L, Mézes M, Beczner J, Farkas J: A hálózatkutatás, a bioinformatika és a rendszerbiológia alkalmazási lehetőségei az élelmiszer-tudományban; *Magyar Tudomány* 174:(9), 1094–1102. (2013)
- Broniatowski, D. A., Paul, M. J., & Dredze, M.: National and Local Influenza Surveillance through Twitter: An Analysis of the 2012-2013 Influenza Epidemic, 8(12), 1–8. doi:10.1371/journal.pone.0083672. (2013)
- Élelmiszerlánc-biztonsági Stratégia 2013-2022 (www.elbs.hu); Vidékfejlesztési Minisztérium (VM) és Nemzeti Élelmiszerlánc-biztonsági Hivatal (NÉBIH); pp.30., ISBN 978-963-08-7671-1. (2013)
- Ercsey-Ravasz Mária, Toroczka Z., Lakner Z., Baranyi J.: Complexity of the International Agro-Food Trade Network and its Impact on Food Safety. *PLoS ONE*. 7(5): e37810. (2012)
- European Commission Directorate General for Health and Consumers: Scoping study – Delivering on EU food safety and nutrition in 2050 – Scenarios of future change and policy responses. Framework Contract for evaluation and evaluation related services – Lot 3: Food Chain; Final Report, 2013.
- FAO/WHO Codex Alimentarius: Working Principles for Risk Analysis for Food Safety for Application by Governments. CAC/GL 62-2007. http://www.codexalimentarius.org/download/standards/10751/CXG_062e.pdf (2007)
- index.hu: Stöckert Gábor interjúja Barabási Albert-Lászlóval: Az NSA primitíven használta a begyűjtött adatokat (http://index.hu/tudomany/2015/02/20/az_nsa_primitiven_hasznlta_a_begyujtott_adatokat/) (2015)
- Lentz, H. H. K., Korschake, M., Teske, K., Kasper, M., Rother, B., Carmanns, R., Selhorst, T.: Trade communities and their spatial patterns in the German pork production network. *Preventive Veterinary Medicine*, 98(2–3), 176–181. (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/21111498>). (2011)
- Pankaj Ghemawat, Steven A. Altman: DHL Global Connectedness Index 2012. Analyzing global flows and their power to increase prosperity. IESE Business School. (2012)
- Petróczi, A., Taylor, G., Nepusz, T., & Naughton, D. P.: Gate keepers of EU food safety: Four states lead on notification patterns and effectiveness. *Food and Chemical Toxicology*, 48(7), 1957–1964. (2010)
- WHO global strategy for food safety: safer food for better health. World Health Organization (www.who.int/foodsafety/publications/general/global_strategy/en/index.html) (2002)
- Wilking, Hendrik, Götsch, U., Meier, H. et al.: Identifying Risk Factors for Shiga Toxin-producing *Escherichia coli* by Payment Information. *Emerging Infectious Diseases*. 18, 169–170. (2012)

⁵ Az emberi testben élő mikroorganizmusok összetett ökológiai rendszere.

Hálózatok vizsgálata betegségekben

Vannak betegségek, amelyek néhány vagy sok gén és a környezeti hatások révén alakulnak ki. Ezek az ún. multifaktoriális vagy komplex betegségek, melyek általában nagyon gyakoriak, szemben a monogén betegségekkel. Ide sorolhatók olyan népbetegségek, mint az allergia, az asztma, a rák, a magas vérnyomás, a cukorbetegség, a szív-érrendszeri megbetegedések és az Alzheimer-kór. Továbbá gyakorlatilag az összes külső és belső tulajdonság is multifaktoriális jellegű, melyek vizsgálata nem különbözik a betegségekétől, és mivel sokszor szoros a kapcsolat közöttük, nem választjuk el őket élesen egymástól.

A komplex betegségek néhány jellemzője:

- *Általában gyakoriak.* Például az asztma gyakorisága 6–10% (Magyarországon 7,5%; a tüdőgondozók által nyilvántartott asztmások száma 250 000 körüli). Szintén nagyon gyakori a magas vérnyomás (20–30%), a kóros elhízás vagy obesitas (20%), a 2-es típusú cukorbetegség (T2DM, 7%) vagy a depresszió (7–15%). A kardiovaszkuláris betegség következtében bekövetkező halál az összes halál 39%-áért felelős.
- *Családi halmozódás* figyelhető meg, de nem mutatható ki mendeli¹ öröklődés. Ez azt jelenti, hogy bizonyos betegségek egyes családokban sokkal gyakrabban fordulnak elő, mint az a populáció-gyakoriság alapján várható lenne, de a családfa alapján általában nem állapítható meg mendeli öröklődés (pl. domináns, recesszív, X-hez kötött stb.).
- *Gyakoribbak a poszt-reprodukciós korban.* Azaz, szemben a monogén betegségek többségével, a kór akkor jelentkezik, amikor már az illetőnek megszülettek a gyermekei, sőt részben fel is nevelte őket, azaz nincs kisselektálódás, a betegségre hajlamosító gének továbböröklődnek.
- *Összgazdasági jelentőségük óriási.* Például a kardiovaszkuláris betegségek az Európai Unió országaiban >170 milliárd €/év, az Egyesült Államokban 300 milliárd \$/év költséget, az asztma az Egyesült Államokban 18 milliárd \$/év összeget emészt fel. A 2-es típusú cukorbetegség kezelésére a teljes egészségügyi kiadások 12%-a megy, ami világszinten 376 milliárd \$-nak felel meg, és ez előreláthatólag 2030-ra 490 milliárd \$-ra nő.
- Egyes betegségek *gyakorisága* az elmúlt évtizedekben, főleg a fejlett országokban, jelentősen *emelkedett* (pl. elhízás, 2-es típusú cukorbetegség, magas vérnyomás, allergia, asztma stb.).
- Gyakran tapasztalható *több betegség együttes előfordulása* (komorbiditás).

Környezeti tényezők

A környezeti tényezők nagyon fontos szerepet játszanak a komplex betegségek kialakulásában, sőt, az esetek túlnyomó többségében *egy adott genetikai háttér csak bizonyos környezeti körülmények között hajlamosít valamilyen betegségre.* Környezeti tényezőnek nevezünk minden olyan faktort, ami nem genetikai. A teljesség igénye nélkül ide tartoznak például a méhen belüli hatások (az epigenetikai tényezőkön keresztül egész életre kihatnak), a táp-

lálkozás, a stressz, a dohányzás, a fertőzések, az életmód, a nevelés és az éghajlat.

Rendszerbiológiai adatok és megközelítések

Az elmúlt években a molekuláris biológiai mérés technikai módszerek, a számítógépek és a bioinformatika fejlődésével megnyílt a lehetőség arra, hogy az élőlényeket a valósághoz jobban közelítően, komplex rendszerekként modellezzük és értelmezzük. Az új mérés technikai módszerek elterjedésével soha nem tapasztalt teljességű és mennyiségű adathoz juthatunk. Ilyen módszer például a GWAS², mellyel egyszerre több millió genetikai variációt (SNP-t, vagy *single nucleotide polymorphism* ~ pontmutáció) tudunk vizsgálni. Vannak olyan ún. génexpressziós csipek, amelyekkel az összes gén kifejeződését (szintjét) mérni tudjuk egy szövetben vagy sejtszövetben stb. Az ilyen módszereket, amelyekkel a teljes örökítő anyagot, a genomot egyszerre tudjuk vizsgálni, *genomikai módszereknek* hívjuk.

Természetesen a különböző szinteken lévő mérési eredmények, adatpontok sem függetlenek egymástól, hanem egymással kapcsolatban, kölcsönhatásban állnak. Például egy genetikai variáció, amely egy gén szabályozó régiójában helyezkedik el, nemcsak annak az adott génnek a kifejeződését változtathatja meg, hanem azokat is, amelyekkel az a gén, vagy terméke kölcsönhatásban áll. Továbbá, egy másik genetikai variáció befolyásolhatja ennek az genetikai variációnak a hatását pozitív és negatív irányban is. Egy élő szervezetben belül ezeket a kölcsönhatásokat több szinten is tapasztalhatjuk, és mára világossá vált, hogy egy szervezet működését, vagy például egy genetikai mutáció hatását csak akkor tudjuk értelmezni, ha átfogó módon, együttesen, rendszerszerűen vesszük figyelembe ezeket a kölcsönhatásokat. A biológián belül azt a tudományágat, amely ezeknek a hálózatszerűen ábrázolható kölcsönhatásoknak a feltérképezésével és értelmezésével foglalkozik, *rendszerbiológiának* hívjuk.

Bár általános rendszerelméleti megközelítés már Bertalanffy 1960-as évekbeli munkájában megjelent, azóta is számos különböző matematikai háttérű rendszerbiológiai megközelítés jött létre. Ezek főként sejtbiológiai ihletésűek voltak, de ide sorolhatók a teljes szerv vagy szervrendszer modellezését célzó komplex hibrid rendszerek, mint az immunrendszer vagy az idegsejtek hálózatainak különböző modelljei. A kölcsönhatások együttesének átfogó modellezéséhez a rendszerbiológiai megközelítéseket az alábbi alapvető feltevések szerint csoportosíthatjuk:

- az entitások/faktorok páronkénti kölcsönhatásai,
- az entitások/faktorok többváltozós összefüggései-függetlenségei,
- az entitások/faktorok oksági rendszerei.

¹ Gregor Mendel nevéből, aki borsókereszteszés kísérleteivel megteremtette a tudományos öröklődést és megteremtette a modern genetika alapjait.

² Genome wide association study ~ Teljes genom asszociációs vizsgálat.

Elsőként az első ponthoz tartozó legkisebb adat- és számítás-igényű, páronkénti kölcsönhatásokra építő „hálózati” megközelítést tekintjük át, majd a harmadik ponthoz tartozó valószínűségi gráfos modelleket és végül az oksági rendszereken alapuló megközelítéseket.

Páronkénti kölcsönhatások modellezése és ábrázolása

A hálózati rendszerbiológiai megközelítésben a faktorok kölcsönhatásait páronkénti kölcsönhatásokként modellezzük, amelyeket gráfok felhasználásával ábrázolhatunk. Ekkor minden egyes faktornak egy-egy *csomópontot*, angolul „*node*”-ot feleltetünk meg, a kölcsönhatást a faktorok között a két csomópontot összekötő vonalakkal ábrázoljuk, amit a gráf *éleinek*, angolul „*edge*”-eknek nevezünk. A legtöbb csomópontnak csak kevés kapcsolata van, azonban vannak csomópontok, amelyeknek nagyon sok. Ez utóbbiakat „*hub*”-oknak, magyarul *hálózati középpontoknak* nevezzük.

Ha sejteken belüli molekuláris interakciókat modellezzük így, akkor a csomópontok lehetnek pl. metabolitok (kismolekulájú anyagcseretermékek), illetve olyan makromolekulák, mint a fehérjék, RNS-ek, DNS-szekvenciák, míg az élek fizikai, biokémiai, vagy funkcionális interakciókat jelenthetnek.

Páronkénti kölcsönhatási hálózatok

Az elmúlt évtizedben rengeteg olyan eredmény született, amelyekkel ember-specifikus interakciós hálózatokat lehet felrajzolni. Ezek az egymásba fonódó hálózatok segítenek megérteni az emberi betegségek természetét, kialakulásának mechanizmusait. A molekuláris kölcsönhatások között megkülönböztethetünk *fehérje interakciós hálózatokat*, ahol az egyes csomópontokban fehérjék helyezkednek el, és az élek fizikai (kötő) kölcsönhatásokat jelentenek.

Az anyagcsere, vagy *metabolikus hálózatok*, amelyekben az egyes csomópontokban metabolitok vannak, és akkor kapcsolódnak egymáshoz, ha ugyanabban a biokémiai reakcióban vesznek részt. Valószínűleg a metabolikus hálózatról eddig szerzett ismeretanyag a legátfogóbb.

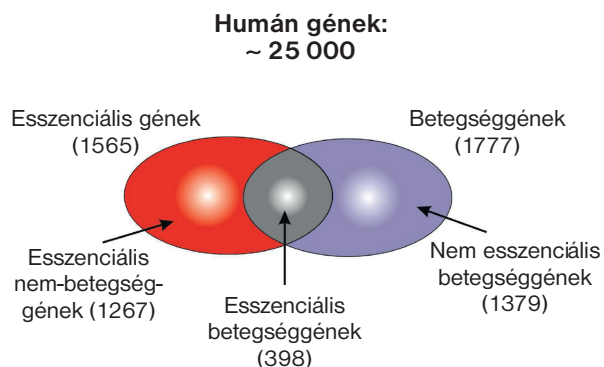
Az *RNS-hálózatok* RNS–RNS, vagy RNS–DNS interakciókat mutatnak, mint például a mikroRNS-ek genszabályozása. A mikroRNS-ek szerepét az utóbbi években ismertük meg részletesebben.

A hálózati megközelítés a betegségek gyógyszerreivel kapcsolatban is megjelent, amit a „hálózati gyógyszerkutatás-” (*network pharmacy*) megközelítés is mutat, illetve a hatalmas méretű *hatóanyagcélpont* fehérje-adatbázisok.

Betegséggének a hálózatkutatásból

A különböző technikákkal megállapított interakciós hálózatokat a hálózatkutatás vizsgálja, amelyet orvos-biológiai hálózatoknál is sikeresen alkalmaztak. Ennek egy gyakori módja, hogy a különböző technikákkal megállapított interakciók hálózatainál, különböző módszerekkel azt vizsgálják, hogy a kapott hálózat mennyiben és miben tér el egy adott referenciának tekintett véletlenszerű hálózattípustól, és ezt hogyan lehet alkalmazni a biológiai folyamatokra.

Az előzőekben definiáltuk a hálózatokon belül a *hub*, vagyis a hálózati középpont fogalmát, amelyek olyan csomópontok, amelyekhez aránytalanul sok kapcsolat tartozik. Amikor a hub fehérjét modellszervezetekben megvizsgálták, azt tapasztalták, hogy általában esszenciális gének kódolják őket és általában konzeráltabbak, mint a nem-hub fehérjék. A hub fehérjéket kódoló gének kiütése általában nagyobb változáshoz vezet, és hiányuk szá-



1. ábra. Az emberi gének kevesebb, mint 10%-a, 1777 asszociál valamilyen betegséggel. 1565 génünk van, amelyik *in utero*, vagyis az embrionális fejlődésben esszenciális. A két halmaz csak részben fed át egymással

mos más fehérje funkcióját is befolyásolja. Ez ahhoz a hipotézishez vezetett, hogy a huboknak asszociálni kell a betegséggénekkel. Ezt támasztja alá az is, hogy amikor az OMIM adatbázisban³ szereplő betegséggéneket megvizsgálták, a kódolt fehérjék több fehérje-fehérje interakcióban vettek részt, mint a nem-betegséggének által kódolt fehérjék.

Azoknak a géneknek az erős hatása, a funkciót jelentősen módosító mutációi azonban, melyek a korai embrionális fejlődésben létfontosságúak, általában nem tudnak továbböröklődni, így kiszeklektálódnak a populációból. Ezzel szemben, a humán betegségek okozó mutációk többségét a hordozók sokáig, sokszor felnőttkorig elnyúlóan tolerálni tudják. Ez azt jelenti, hogy emberben (illetve fejlett élőlényekben) a betegséggének nem lehetnek mind esszenciális gének (1. ábra). A vizsgálatok alapján azt lehetett megállapítani, hogy emberben a hub proteinek kódoló gének esszenciális gének, míg a betegséggének inkább a periférián helyezkednek el a hálózatokban (2. ábra).

Vizsont, ha a gyenge hatású genetikai polimorfizmusokat is figyelembe vesszük, melyek csak kicsit módosítják a gén által kódolt fehérje működését, számos hub proteinnel találkozhatunk, amelyek kihatású genetikai variációi több komplex betegséggel is asszociációt⁴ mutattak. Ilyen például a gyulladási folyamatokban központi szerepet játszó tumor nekrosis faktor- α , mely génjének, a *TNF*-nek a variációi asztmával, obezitással, 1-es és 2-es típusú cukorbetegséggel, Alzheimer-kórral és érlelmeszesedéssel is asszociálnak. Hasonló hub fehérje még a β_2 adrenereceptor (*ADRB2*). Variációi befolyásolják az asztmát, obezitást és szerepet játszik a vérnyomás szabályozásában is.

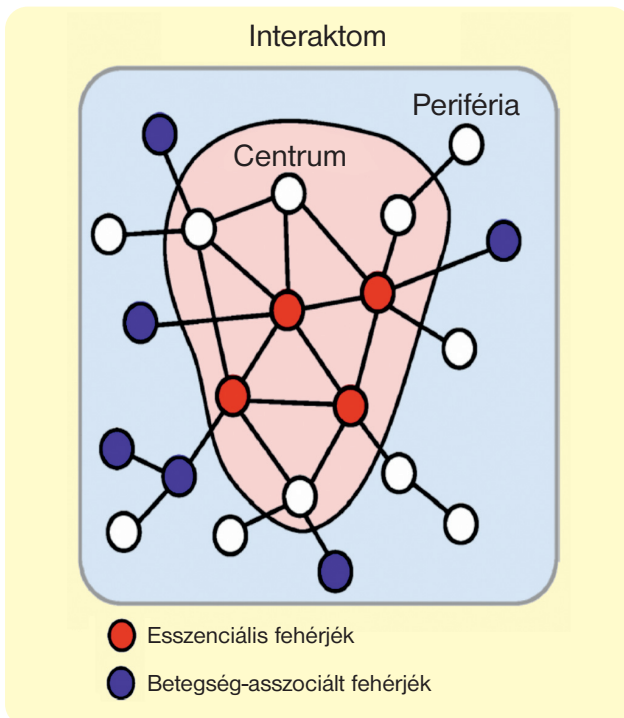
A *PPARG* gén tipikus hub fehérjét kódol, hiszen mutációja magas vérnyomást, elhízást, 2-es típusú cukorbetegséget okoz, a betegekben érlelmeszesedés alakul ki.

A rendszerbiológiai módszerek alkalmazása

A betegségekkel kapcsolatban azonosított gének és anyagcsere-útvonalak mind potenciális gyógyszer és terápiás célpontok. Egy vizsgálatban, 1-es típusú cukorbetegségben (T1DM), a korábban nagy genomszűrések segítségével megismert gének által kódolt fehérjéknek megkeresték a velük interakcióban levő fehérjepartnereit, és 68 új T1DM gént sikerült azonosítani.

³ Online Mendelian Inheritance in Man; <http://www.omim.org/>

⁴ Az asszociáció itt egy statisztikai kijelentés, ami arra vonatkozik, hogy nagyobb a valószínűsége annak, hogy a genetikai variáció valamilyen kapcsolatban áll a betegséggel, mint annak, hogy nincs közöttük kapcsolat.



2. ábra. Az esszenciális és a betegségének közötti különbség sematikus ábrázolása. Az embrionális fejlődésben esszenciális gének által kódolt fehérjék (piros) a hálózat centrumában helyezkednek el, ezek általában hubok. A betegségének inkább a periférián találhatóak

Magas vérnyomásban az első nagy genomikai vizsgálatok nem vezettek eredményre. Viszont, amikor az eredményeket a rendszerbiológia eszközeivel elemezték, több olyan anyagcsere-útvonalat azonosítottak, amelyek szerepet játszanak a vérnyomás szabályozásában, de addig jelentőségüket nem ismerték fel.

GWAS és génexpressziós mérési eredmények felhasználásával, rendszerbiológiai megközelítéssel azonosítottak több új Parkinson-kórhoz kapcsolható anyagcsere-útvonalat.

Új eredményeket hozott az a rendszerbiológiai vizsgálat is, amelyben 5 multifaktoriális betegség GWAS-eredményei alapján létrehozott interakciós hálózatát tárták fel. Az 5 betegség közül két neurodegeneratív betegség (Alzheimer- és Parkinson-kór), és három autoimmun betegség (szklerózis multiplex, amely egyben neurodegeneratív is), rheumatoid arthritis és T1DM) volt. Először az öt betegségre a GWAS-eredmények alapján, adatbázisok segítségével egyenként anyagcsereútvonal-feldúsítást (*pathway enrichment*) végeztek. Azaz megnézték, hogy a GWAS-okban azonosított gének milyen anyagcsere-útvonalakhoz kapcsolódnak. Majd páronként a közös útvonalakkal rendelkező betegségeket összekötötték. Az élekhez 3 és 30 között számokat rendeltek, ahol a kisebb szám jelölte a több közös anyagcsere-útvonalat. A 3. ábrán látható hálózatból látszik, hogy mindegyik betegségnek vannak közös anyagcsere-útvonalai. Érdekes, és kissé váratlan módon, a legerősebb kapcsolat az Alzheimer-kór és a T1DM között volt. Az eredmények több, eddig nem ismert kapcsolatot, illetve betegséghez kapcsolható útvonalat tártak fel. Ezek közül csak egyet említünk. A vártak megfelelően a B-sejt és a T-sejt⁵ aktivációs útvonalak minden autoimmun betegségben szerepeltek, azonban meglepő módon Alzheimer-kórban is. Eddig az adaptív immunrendszer szerepe a betegségben nem volt ismert, bár volt né-

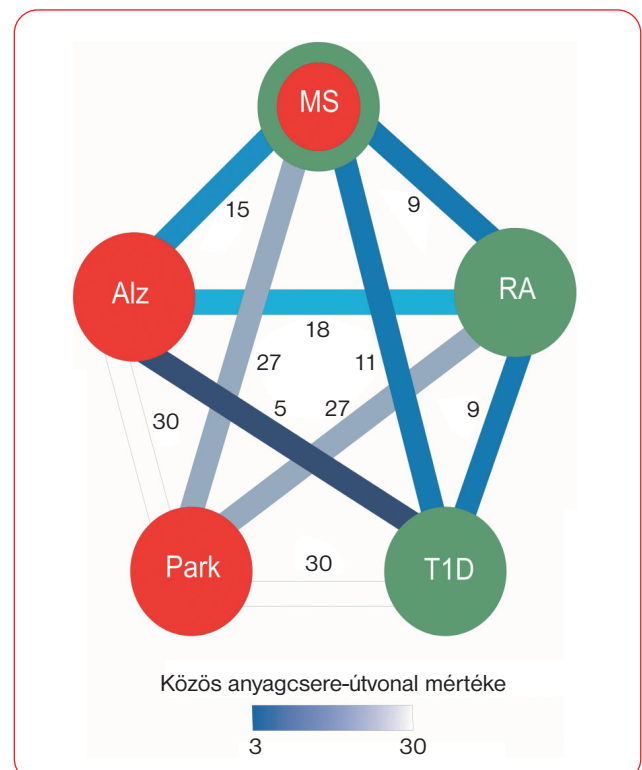
hány vizsgálat, amelyben megváltozott T-sejtválaszt tapasztaltak a betegekben. Illetve, ismert volt, hogy a gyulladáscsökkentők rendszeres használata csökkenti a betegség kialakulásának kockázatát. Az is érdekes, hogy a Parkinson-kór valamivel szorosabb kapcsolatban áll a rheumatoid arthritissel és a szklerózis multiplexszel, mint az Alzheimer-kórral.

A rendszerbiológia eszközei a *gyógyszerkutatásban* is felhasználhatók. Olyan gyógyszerek, amelyek egy meghatározott célponttal rendelkeznek, sokszor javíthatják ugyan a betegség néhány hibáját, de más szomszédos, kapcsolt hálózatokat is megzavarhatnak, ami mellékhatásokhoz vezethet. A gyógyszerhatás hálózatszemléletű megközelítése alapján a legtöbb betegséget nem lehet mágiikus lövedékkel (*magic bullet*) meggyógyítani, azaz olyan gyógyszerrel, amely egyetlen csomópontra hat. Erre példa a daganatok, vagy az AIDS terápiájában használt kombinált kezelések hatékonysága.

Szintén fontosak a gyógyszer-célpont-hálózatok, amelyek a forgalomban, vagy kísérleti fázisban levő gyógyszerek fehérjecélpontjait ábrázolják. Ennek elemzése alapján túlsúlyban vannak a palliatív gyógyszerek, amelyek nem közvetlenül a betegséget okozó fehérjére hatnak, hanem annak hálózati szomszédjára.

A rendszerbiológiai megközelítés alapján a racionális gyógyszerkutatásban fel kell tárnunk az adott betegséghez tartozó betegség-hálózatot, és elég olyan hatóanyagokat keresni, amelyek ebben a betegségmodulban okoznak detektálható változásokat. Ez jelentősen leszűkítheti a keresés terét, és segíti a betegség diagnosztikához használható biomarkerek detektálását is, hiszen a betegségmodul komponensei aktivitásának változásai mutathatják a legerősebb korrelációt a betegség progressziójával.

3. ábra. 5 betegség (Alzheimer-kór (Alz), Parkinson-kór (Park), szklerózis multiplex (MS), rheumatoid arthritis (RA) és 1-es típusú cukorbetegség (T1D)) interakciós hálózata. A betegségeket összekötő élek színei, illetve a melléjük írt számok a közös anyagcsere-útvonalak mértékének rangsorát jelzik. A 3-as érték jelöli a legszorosabb, míg a 30-as a legalacsonyabb szintű rokonságot



⁵ Két fehérvérsajt-típus, melyek az ún. adaptív immunrendszer főszereplői.

Páronkénti összefüggésektől a többváltozós interakciókig

A gyakran esztétikai élményszámba menő színes interakciós gráfokat nézve, és az egyre gyarapodó élek mögötti tudásra gondolva, paradoxonnak tűnhet, hogy legalább ugyanilyen fontos az élek hiánya. Azonban az interakciós gráfokra, mint modellekre gondolva, a hálózatok ritkaságának a fontossága máris érthetővé válik, ha a gráf élsűrűségére mint a modellek egyszerűségének mértékére tekintünk. A faktorok többváltozós függetlenségének pontos reprezentálását és annak a tudásmodellezésben, induktív következtetésben való felhasználását a valószínűségi gráfok modellek szolgáltatják. Az irányítatlan éleket használó Markov-hálók és az irányított éleket használó Bayes-hálók közül az utóbbi vált népszerűbbé a bioinformatikában, mivel oksági értelmezést és kiterjesztési lehetőségeket is kínál.

Többváltozós interakcióktól az oksági hálózatokig

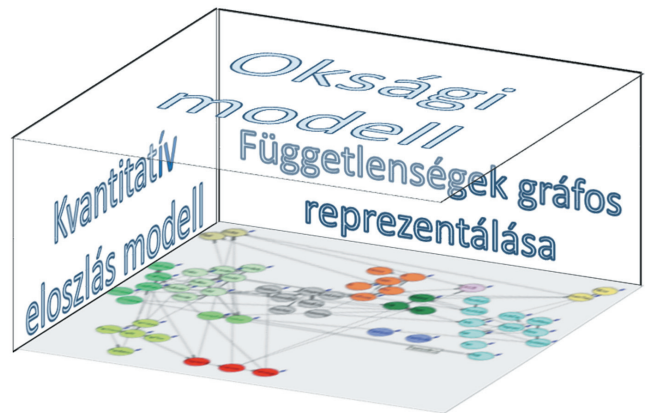
A Bayes-hálók (BN) a valószínűségi gráfok modellek egyik alosztálya, amelyben irányított, körmentes gráfokat (directed acyclic graph: DAG) használunk a sokváltozós eloszlás függetlenségeinek és kvantitatív jellemzőinek bemutatására, illetve opcionálisan az eloszlást generáló oksági mechanizmusok reprezentálására is. Az értelmezés szerint a csomópontok a véletlen változókat, az élek pedig közvetlen oki ráhatást jelentenek, így definiálva a modell struktúráját. A struktúrát definiáló gráf lokális valószínűségi modellekkel van kiegészítve, nevezetesen minden csomóponthoz tartozik egy lokális modell, amely megadja az azon csomópont által reprezentált valószínűségi változó valószínűségi függését a gráfban szülőként⁶ jelenlévő valószínűségi változóktól. Ezen lokális modellek paraméterei a modell paraméterei.

A Bayes-háló modellosztályt több tudományterületen is felhasználják. A teljesség igénye nélkül ide tartozik a döntéstámogatás, a statisztikai adatelemzés, vagy éppen a biomarker-kutatások. A Bayes-hálók sokoldalúsága abból a tényből következik, hogy három autonóm kutatási szintet kapcsol egybe: az oksági modellt, a valószínűségi modell függetlenségi struktúráját és a kvantitatív eloszlást, amit a 4. ábra illusztrál. A gráfok modellek alkalmazása valószínűségi és oksági modellezésben visszavezethető az 1920-as évekig, Wright útvonal-diagramokat vizsgáló munkájáig, melyek rendszerbiológiai és genetikai alkalmazásai is nagyon széles körűek, de modern oksági kutatásokban is központi szerepet játszanak.

Hálózatok fúziója, az adat és a tudás fúziója

A nagy tömegű adatok megjelenése új korszakot nyitott a biológiában és az orvostudományban, azonban az adatok és ismeretek integrálása, az adat- és tudásfúzió problémája továbbra is megoldatlan.

Évente kb. egymillió tudományos közlemény jelenik meg csak orvos-biológiai témakörökben, de ez egy szűkebb területen is ezres nagyságrendet jelent. Ilyen mennyiségű cikk követése meghaladja az emberi képességek határait, pedig a heterogén ismeretek integrálása, a tudományos haladás záloga, így egyre sürgetőbbben merül fel az igény arra, hogy akár egyéni szempontok szerinti szá-

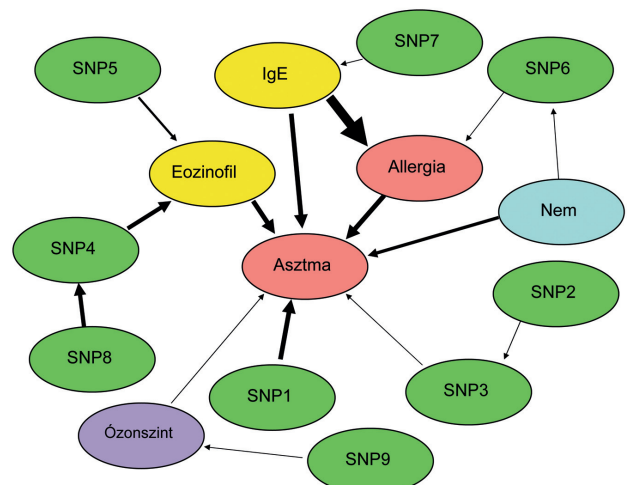


4. ábra. A Bayes-hálók nézetei: oksági, függetlenségi és parametrikus

mítási módszerek felhasználásával egyesítsük ezt a rendkívül sokrétű információt. Ez kulcsfontosságú mind az egyéni megismerés gazdagítása, mind pedig a gyógyszer-innováció és a személyre szabott gyógyászat céljainak elérése érdekében.

A komplex betegségek rendszerbiológiai vizsgálatában különösen fontosak a különböző megfigyelési szintek integrálásából származó vegyes hálózatok. Egy hálózatban szerepelhetnek például genetikai variációk (SNP-k), klinikai tünetek, környezeti tényezők, laborparaméterek stb. Ilyenkor a hálózat a különböző mérési eredményekből, bioinformatikai módszerekkel kiszámolt ok-okozati kölcsönhatásokat ábrázolhatja. Ebből megismerhetjük például, hogy melyik genetikai variáció befolyásolja közvetlenül, vagy más

5. ábra. Vegyes kölcsönhatási hálózat asztmában. A különböző jellegű csomópontokat (betegségeket, genetikai variációkat, laborparamétereket, környezeti faktorokat, egyéni jellemzőket) más-más színnel jelöltük. Az élek vastagsága arányos az összefüggés erősségével. Lát-szik például, hogy az SNP1 közvetlenül befolyásolja az asztmára való hajlamot, míg az SNP2 csak az SNP3-mal van kölcsönhatásban. A magas eozinofil- vagy IgE⁹-szint is összefüggést mutat asztmával, akárcsak az allergia. Az SNP5, vagy az SNP4 nem közvetlenül az asztmára hajlamosít, hanem befolyásolják az eozinofilszintet és azon keresztül hatnak az asztmára. A levegő szennyezettsége (ózoszint a környezetben) szintén összefüggést mutat az asztmával. Az SNP9, amely például egy olyan útvonalon szereplő génben lehet, amely a levegőszennyezettség semlegesítéséért felel, az ózoszinten keresztül mutat összefüggést az asztmával



⁶ Itt a szülő a csomópont, ahonnan az irányított él indul.

⁷ Szilíciumban⁷, azaz: „a gépben” kifejezés arra a technikára utal, amikor a kísérlet nem az élő szervezetben, hanem a számítógépben, illetve számítógépes szimuláció során folyik.

⁸ Gyulladásos fehérvérsejt, melynek szintje sok asztmásban magas.

⁹ Allergiás megbetegedésekben fontos immunglobulin, más néven antitest.

genetikai variációval, vagy egy környezeti tényezővel (vírussal vagy allergénnel) kölcsönhatásban a jelleg (betegség) kialakulását, vagy egy olyan laborparamétert (pl. koleszterinszintet), amely megnöveli a betegség kialakulásának esélyét (5. ábra).

Út a szingularitásba: adatgazdag szimuláció

Az adatok kutatásbeli szerepe több tudományterületen is megváltozott, sőt, ez a jelenség tudománytörténeti korszakhatárnak is tekinthető, amikor a XX. század második felére jellemző számítás-intenzív, szimulációs korszakot egy adat-intenzív, adatelemző korszak váltotta fel. A vizionált új kutatási paradigma központi eleme ezen nagy adattömegek léte és a hipotézismentes kutatás. Fontos felismerni azonban, hogy az adatgazdagság kiegészítője és nem kizárója a számítás-intenzív szimulációknak, sőt, az adatgazdagság és a szimuláció integrálása a hálózatkutatásnak is új szakaszát nyithatja meg, ugyanis az interakciós hálózatok bizonyos rendszerbiológiai modellezése lehetővé teszi a hálózatok dinamikai szimulációját is. Integrálásukkal egy önerősítő folyamat indulhat be, amelyben a rendszerbiológiai szimulációk adatgazdagsága növekszik, illetve az egyre jobb szimulációk eredményei maguk is a felhasználható, nagy adattömegeket gyarapítják. Ennek előjele, hogy az ismeretek gyarapodása miatt az utóbbi években egyre jobb kompromisszumok mellett lehetséges a „teljes sejt” vagy a „teljes szervrendszer” dinamikai szimulációja. A betegségek megismerését az ilyen beavatkozásokat, kísérleteket is *in silico*⁷ lehetővé tevő modellek tehetik majd teljessé, amelyek gyógyszerkutatásban vagy akár egyéni terápiaválasztásban is felhasználhatóak lesznek. ✨

Irodalom

- Barabási AL, Gulbahce N, Loscalzo J. Network medicine: a network-based approach to human disease. *Nat Rev Genet.* 2011 Jan;12(1): 56–68.
- Vidal M, Cusick ME, Barabási AL. Interactome networks and human disease. *Cell.* 2011 Mar 18;144(6): 986–98.
- Barabási AL, Albert R. Emergence of scaling in random networks. *Science.* 1999 Oct 15;286(5439):509–12. PubMed PMID: 10521342.
- Jeong H, Tombor B, Albert R, Oltvai ZN, Barabási AL. The large-scale organization of metabolic networks. *Nature.* 2000 Oct 5;407(6804): 651–4.
- Albert R, Jeong H, Barabási AL. Error and attack tolerance of complex networks. *Nature.* 2000 Jul 27; 406(6794): 378–82.
- Edwards YJ, et al. Identifying consensus disease pathways in Parkinson's disease using an integrative systems biology approach. *PLoS One.* 2011 Feb 22; 6(2): e16917.
- Gao S, Wang X. Predicting Type 1 Diabetes Candidate Genes using Human Protein-Protein Interaction Networks. *J Comput Sci Syst Biol.* 2009 Apr 1;2:133.
- Menon R, Farina C. Shared molecular and functional frameworks among five complex human disorders: a comparative study on interactomes linked to susceptibility genes. *PLoS One.* 2011 Apr 21; 6(4): e18660.
- Binder CJ, et al. (2004) IL-5 links adaptive and natural immunity specific for epitopes of oxidized LDL and protects from atherosclerosis. *J Clin Invest* 114: 427–437.
- Taleb S, Tedgui A, Mallat Z (2010) Adaptive T cell immune responses and atherogenesis. *Curr Opin Pharmacol* 10: 197–202.
- Ludwig Von Bertalanffy: General System Theory: Foundations, Development, Applications, Penguin University Books, 1969.
- S. Wright: Correlation and causation, *J. of Agricultural Research*, 20, 557–585, 1921
- N. Friedman: Inferring Cellular Networks Using Probabilistic Graphical Models, *Science*, 303, 5659, 799–805, 2004.
- E. E. Schadt et al.: An integrative genomics approach to infer causal associations between gene expression and disease, *Nature Genetics*, 37(7): 710–717, 2005.
- R. Mourad et al: Probabilistic graphical models for genetic association studies, *Briefings in Bioinformatics*, 13, 1, 20–33, 2012.
- J. Pearl: Causality: Models, Reasoning, and Inference, Cambridge University Press, 2000.
- G. Bell et al.: Beyond the Data Deluge. *Science* 2009, 323(5919):1297–1298.
- M. Tomita: Whole-cell simulation: a grand challenge of the 21st century, *Trends in Biotechnology* Vol.19 No.6, 2001.
- J. R. Karr et al.: A whole-cell computational model predicts phenotype from genotype, *Cell.* 150(2): 389–401, 2012.
- V. Narang et al: Systems immunology: a survey of modeling formalisms, applications and simulation tools, *Immunol Res.*, 53(1–3): 251–65, 2012.

Különszámunk szerzői

DR. ANTAL PÉTER egyetemi docens, PhD, Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetem, Villamosmérnöki és Informatikai Kar, Méreştechnika és Információs Rendszerek Tanszék, Budapest;

DR. BACSÁRDI LÁSZLÓ intézetigazgató, egyetemi docens, Nyugat-magyarországi Egyetem Informatikai és Gazdasági Intézet, Sopron;

DR. BARABÁSI ALBERT-LÁSZLÓ fizikus, akadémikus, Northeastern Egyetem, Boston, Amerikai Egyesült Államok;

BURÁNSZKINÉ SALLAI MÁRTA meteorológus, PhD, Országos Meteorológiai Szolgálat, Budapest;

DR. CSERMELY PÉTER akadémikus, egyetemi tanár, Semmelweis Egyetem Orvosi Véggyógyászati, Molekuláris Biológiai és Pathobiokémiai Intézet, Budapest;

DR. EKE ANDRÁS egyetemi docens, Semmelweis Egyetem, Általános Orvostudományi Kar;

Klinikai Kísérleti Kutató- és Humán Élettani Intézet, Budapest;

DR. GAÁL BOTOND egyetemi tanársegéd, PhD, Debreceni Egyetem, Általános Orvostudományi Kar, Anatómiai, Szövet- és Fejlődéstani Intézet, Debrecen;

GÓDOR GYÖZŐ tudományos segédmunkatárs, Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetem, Hálózati Rendszerek és Szolgáltatások Tanszék, Budapest;

DR. GROLMUSZ VINCE egyetemi tanár, az MTA doktora, ELTE Matematikai Intézet, PIT Bioinformatikai Csoport, Budapest;

DR. JORDÁN FERENC ökológus, MTA Ökológiai Kutatóközpont, Vácrátót;

DR. JÓZWIÁK ÁKOS BERNARD igazgató-helyettes, Nemzeti Élelmiszerlánc-biztonsági Hivatal, Rendszerszervezési és Felügyeleti Igazgatóság, Budapest;

KEREPESI CSABA PhD, ELTE Matematikai Intézet, PIT Bioinformatikai Csoport, Budapest;

DR. KOVÁCS-HOSTYÁNSZKI ANIKÓ zoológus, MTA Ökológiai Kutatóközpont, Lendület Ökoszisztéma-szolgáltatás Kutatócsoport, Vácrátót;

DR. LOVÁSZ LÁSZLÓ matematikus, a Magyar Tudományos Akadémia elnöke, Budapest;

DR. MÓDIS LÁSZLÓ professor emeritus, az MTA doktora, Debreceni Egyetem, Általános Orvostudományi Kar, Anatómiai, Szövet- és Fejlődéstani Intézet, Debrecen;

DR. PALLA GERGELY tudományos főmunkatárs, ELTE Biológiai Fizika Tanszék, Budapest;

DR. PAPP BALÁZS biológus, MTA Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Szintetikus és Rendszerbiológiai Csoport, Szeged;

DR. PÁL CSABA biológus, MTA Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Szintetikus és Rendszerbiológiai Csoport, Szeged;

DR. RANDRIAMAMPANINA ROGER meteorológus, Országos Meteorológiai Szolgálat, Budapest;

DR. SILBERER VERA vegyész, szerkesztő, Budapest;

DR. SZABÓ CSABA ATTILA egyetemi tanár, Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetem, Hálózati Rendszerek és Szolgáltatások Tanszék, Budapest;

SZALKAI BALÁZS egyetemi hallgató, ELTE Matematikai Intézet, PIT Bioinformatikai Csoport, Budapest;

DR. SZALAI CSABA egyetemi tanár, Semmelweis Egyetem, Genetikai Sejt- és Immunbiológiai Intézet, Budapest;

SZVETELSZKY ZSUZSANNA szociálpszichológus, MTA Társadalomtudományi Kutatóközpont, Budapest;

VARGA BÁLINT mesterszakos hallgató, ELTE Matematikai Intézet, PIT Bioinformatikai Csoport, Budapest;

DR. VICSEK TAMÁS akadémikus, egyetemi tanár, ELTE Biológiai Fizika Tanszék, Budapest.

Makromolekuláris hálózatok az ízületi porc és az agy sejtközötti állományában

A sejtek közötti állomány (extracelluláris matrix, ECM) előfordulásáról már a mikroszkópia tudományos igényű művelése során, a XIX. században tudomást szereztek a kutatók, amit alakatlan ragasztó anyagnak tartottak. *Hu-zella Tivadar* (1886–1951), a Debreceni Egyetem Anatómiai, Szövet- és Fejlődéstani Intézet első igazgató professzora írta le a világon elsők között azt, hogy a sejtközötti állomány nem passzív ragasztó, hanem a vele kapcsolatban álló sejtek funkcióit jelentősen befolyásoló szerves anyag. Komponensei közül először a mikroszkópban könnyen felismerhető rostokat, az általánosan előforduló kollagénrost molekuláris szerkezetét írták le az egyre fejlettebb mikroszkópos és biokémiai módszerekkel. Az elektronmikroszkópia fejlődése és a bőr-
ipar növekvő igényei (hiszen a bőr kötőszöve-
te igen gazdag kollagénben) vezettek oda, hogy felismerték a kollagénmolekulák összetételét, fehérjeláncait (a tropokollagén-molekulákat), ezek egymással való kölcsönhatásait, amelyek révén létrejön az állati szövetek egyik legrendezettebb szerkezetű anyaga, a nagy szakítószilárdságú kollagénrost. Ma már több mint 20-féle kollagénmolekuláról, illetve kollagén génről tudunk, ezeket római számokkal különböztetjük meg. Az egyes kollagéntípusok egymáshoz, a sejtfelszín speciális receptoraihoz, és más sejtközötti állomány-komponensekhez kötődnek. Az ízületi porcban elsősorban II. típusú kollagénmolekulák vannak, az agysejtek közötti állományról viszont hiányoznak a kollagén rostok állományából.

A sejtközötti állomány első nagy molekulatömegű szénhidrát-polimerét, a hialuronsavból és hexozaminból felépülő hialuronsavat (hyaluronic acid, HA) az 1930-as években izolálták. A hialuronsav egy nagy molekulacsatlád tagja, melynek neve glikozaminoglikán (GAG). Tudjuk, hogy az igen nagy molekulatömegű (10⁶ Da) hialuronsav helikális szerkezetű, legtöbb szövetünk sejtközötti állományában előfordul, speciális receptorok révén kötődik a sejtmembránhoz, és több más komponenssel léphet

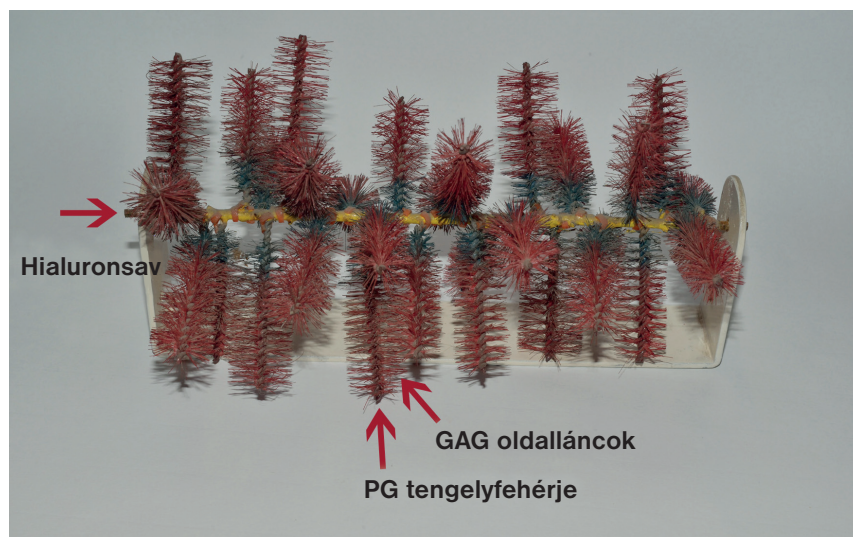
kölcsönhatásba. A hialuronsav a legtöbb állati szövetben a sejtközötti állomány makromolekuláris hálózatának egyik fő alkotója.

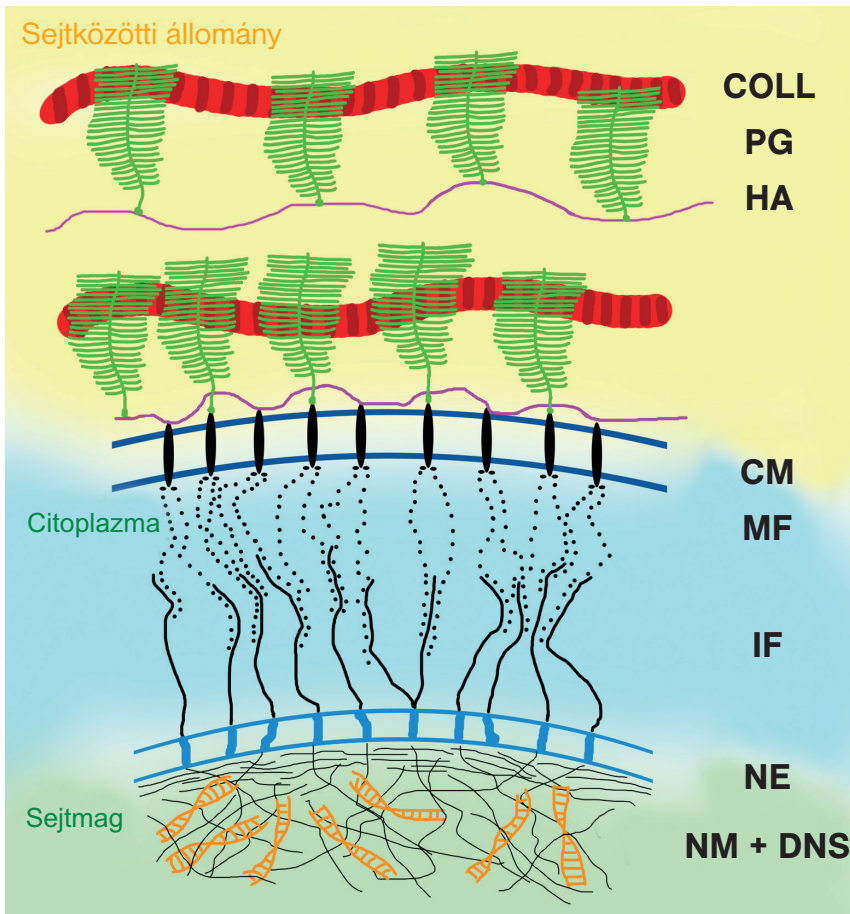
A hialuronsav felfedezése után több más glikozaminoglikán-molekulát is azonosítottak, melyek hexozamin-alegységei szulfát csoportot/kat is tartalmaznak, tehát erősebb polianionok, mint a hialuronsav. Mindegyik glikozaminoglikán-molekula helikális szerkezetű, relatív molekulatömegük néhány tízezer Da. A helixek sztereokémiai jellemzői és funkciói különbözőek. A fontosabb szulfatált glikozaminoglikán-molekulák: chondroitin 4-szulfát (Ch4S), chondroitin 6-szulfát (Ch6S), dermatán-szulfát (DS), keratán-szulfát (KS), heparán-szulfát (HS), heparin (H). Az egyes glikozaminoglikán-molekulák eltérő térszerkezete eltérő biológiai funkciókat tesz lehetővé. Valamennyi szulfatált glikozaminoglikán-molekula az ún. tengelyfehérjéhez („core protein”) kötv

kerül ki az őket szintetizáló sejtől. Ezeket a szénhidrát-fehérje makromolekuláris komplexeket proteoglikánoknak (PG) nevezzük. A polianionos karakterű proteoglikán-molekulák erősen hidratált formában fordulnak elő az extracelluláris terekben, és a heparin-proteoglikán kivételével több más extracelluláris mátrix komponenssel, valamint a sejtmembránok receptoraival összekapcsolódva változatos, az egyes szövetekre jellemző bonyolult molekuláris hálózatot alkotnak.

Az emberi szövetekben a proteoglikánok összetétele, struktúrája és koncentrációja különböző, és ezek a jellemzők változnak a differenciáltsági állapottal, vagy életkorral. Egészséges ízületi porcszövetben Ch4S-, CH6S- és keratán-szulfát-tartalmú nagyméretű proteoglikán-molekulák (aggrecan) fordulnak elő, amelyek a tengelyfehérje N-terminálisa révén a hialuronsav-

1. ábra. Proteoglikán- (PG) aggregátumok térbeli modellje. A kémcsőkefe formájú aggregátum tengelye 60–100 glikozaminoglikán- (GAG) láncot köt, ezek nagy része ChS (piros), kisebb része KS (kék). A nagyméretű hialuronsav 60–80 aggregátum-molekulát képes megkötni. A hatalmas makromolekuláris hálózat erősen hidratált, ami a porcszövet teherbíró képességéért felelős elem





2. ábra. A sejtközi állomány, a sejtmembrán, a citoplazma és a sejtmag funkcionális kapcsolatai porcban. COLL: kollagénszálak; PG: proteoglikánok; HA: hialuronsav; CM: sejtmembrán és receptorok (fekete); MF, IF: citoszkeletális elemek (mikrofilamentumok, intermedier filamentumok); NE: sejtmagmembrán (nuclear envelope); NM: nukleáris mátrix és a DNS

molekulához kötődnek, a kötést pedig egy speciális glikoprotein, a link protein stabilizálja. Ezek az igen nagyméretű, 3–80 proteoglikánt tartalmazó, erősen hidratált szupramolekuláris komplexek igen jellemzőek az egészséges porc és agy sejtközi tereire. Az aggregátumok mellett más különböző méretű proteoglikánok is előfordulnak az állati szövetekben, pl. verzikán, neurokán, brevikán.

A glikozaminoglikán és proteoglikán-molekulákon kívül különböző glikoproteinek is vannak a sejtközi állományban, ezek szénhidrátláncai, szemben a glikozaminoglikánokéval, rövid és általában elágazó, fehérje részük pedig több globuláris domént tartalmaz. Fontos biológiai funkciót betöltő extracelluláris mátrix-glikoprotein a fibronectin (szerepe van a sejtmozgásban és sebgyógyulásban), a laminin (a hám-kötőszövet határon található alaphártya, a lamina basalis egyik alkotója), a tenascin (proteoglikánokat térhálósba rendezi).

A sejtközi állomány molekuláit szelektíven vizsgálhatjuk (immun-)hisztoké-

mia segítségével fény- és elektronmikroszkópban, mennyiségüket az analitikai biokémia módszereivel mérhetjük, a szövetekben elfoglalt térbeli orientációjukat pedig a neves pécsi patológus professzor, Romhányi György (1905–1991) által kidolgozott polarizációs mikroszkópos technikák segítségével írhatjuk le – a módszer egy részét a debreceni laboratóriumunkban dolgoztuk ki (1–2. ábra).

Az ízületi porc sejtközi állománya

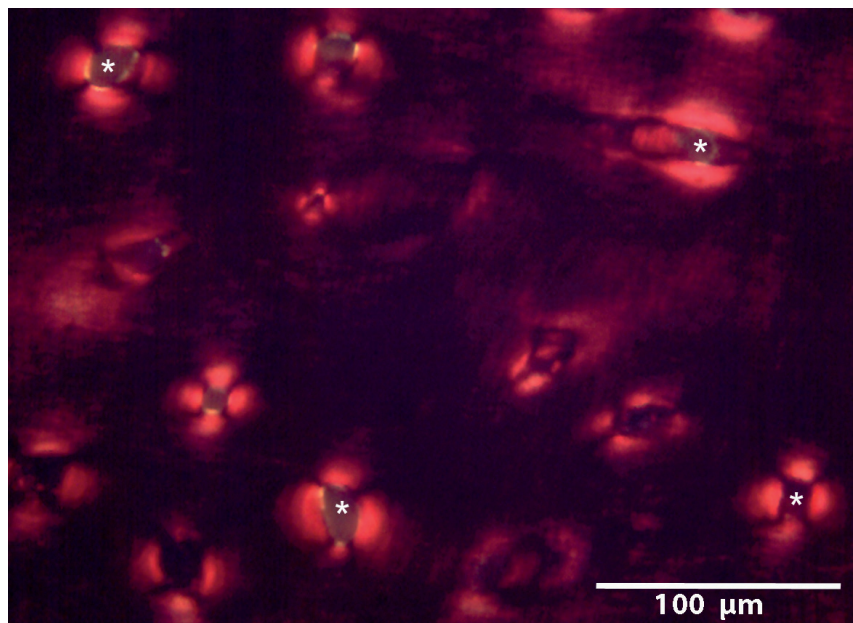
Az ízületi porc a gerincesek mozgásszerveiben kiemelt fontosságú funkcionális és patológiai vonatkozásai miatt. A csontok ízületi felszíneit borító érmentes, rugalmas (teherbíró) struktúrában vannak sejtek, és igen jelentős mennyiségű itt a sejtközi állomány is. Az utóbbi nem homogén, hanem heterogén szerkezetű: az ízületi porc különböző rétegeiben, sőt a rétegeken belül is különböző eloszlást mutat. Sejtjei, a

kondrociták a növekedés befejeződése után oszlásra már nem képes posztmitotikus sejtek. A porcsejtek körüli ún. territoriális extracelluláris mátrix igen gazdag proteoglikánban és magasan rendezett a térbeli orientációja, ám a kondronoktól (= porcsejt + territoriális extracelluláris mátrix) távol eső „interterritoriális” térben a proteoglikánok mennyisége és rendezettsége csökken. Az egészséges ízületi porc mátrixban a II. típusú kollagén, és azok kovalens keresztkötéseivel létrejött fibrillumok hálózata jellemző, és a hozzájuk kötött vagy szabad proteoglikán-aggregátumok.

Az emberi mozgásszervek betegségei között igen gyakoriak az ízületi porcot érintő kórképek, úgymint a porckopás és a reumás gyulladások. Ez a felismerés indított el a XX. század második felében igen intenzív kutató munkát a Debreceni Egyetem Anatómiai Intézetében a világhírű Krompecher István (1905–1983) vezetésével. A Krompecher-iskola ma is él, hatása ma is jelentős a hazai és nemzetközi kutatásokra. Eredményeik alapján dolgozta ki Hangudy László és munkacsoportja a világszerte alkalmazott ízületi porc pótló módszert, a mozaikplasztikát. Egy finn kutatócsoport Heikki Helminen vezetésével a Kuopioi Egyetemen állatkísérletekben kimutatta, hogy a mérsékelt, de krónikus terhelés javítja (fokozza) az ízületi porc minden mérhető paraméterét, így például a teherbírást felelős proteoglikán-koncentrációt, de sérülések vagy krónikus túl nagy terhelés rontja a biológiai paramétereket. Ha csökken az aggregátum helyi koncentrációja, csökken a porc víztartalma, és jelentősen romlik az ízületi porc teherbíró képessége. Ez tapasztalható a népbetegségnek számító porckopásban (oszteoarthritisben). Ezek az eredmények igen megfontolandók az egészségvédelem racionális tervezésében.

Kutatásaink és mások eredményei szerint is, a porc sejtközi állománya nem alakultalan struktúra. A hálózat kollagén fibrillumai, és az azokból szerveződő rostok a különböző porczónákban különböző irányokban helyezkednek el: a felszínes (terhelésnek leginkább kitett) zónába a felszínnel párhuzamosak, míg a mély zónákban a felszínre merőlegesek. Az uralkodó proteoglikán az aggregátum, és ezek a sejtközi térben a hialuronsavhoz kapcsolódnak. Az erősen hidratált proteoglikán-molekulák anionos glikozaminoglikán-láncai a kollagénrostok felületéhez kötődnek, azokkal párhuzamosan helyezkednek el, és elősegítik a kollagénrostok keletkezését is. A hialuronsav–proteoglikán-aggregátumok és a sejtekhez közeli kollagénrostok különböző receptorok révén a porcsejtek membránjához is kötődnek. A porcsejtek membránja körül így alakul ki egy proteoglikán/glikozaminoglikánban és kollagénben gazdag, körkörös orientált hálózat.

Mi ennek a komplex struktúrának a további jelentősége? Mind a teherbírást fe-

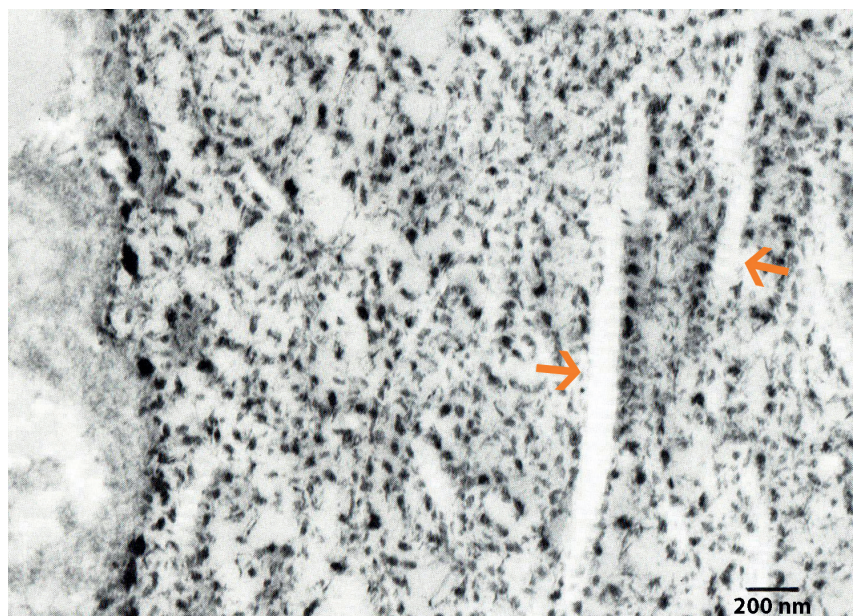


3. ábra. Ízületi porcszövet PG-specifikus festéssel készült polarizációs mikroszkópos felvétele. A porcszövet (PG-specifikus festéssel készült polarizációs mikroszkópos felvétele). A porcszövet (PG-specifikus festéssel készült polarizációs mikroszkópos felvétele). A porcszövet (PG-specifikus festéssel készült polarizációs mikroszkópos felvétele).

lelős proteoglikán-aggregátumok, mind a szakító szilárdságért felelős kollagénrostok sejtközeli részei kötődnek a különböző sejtmembrán-receptorokhoz és ez által bekapcsolódnak az ún. kívülről befelé irányuló (outside-inside) jelátviteli rendszerbe. Ugyanis a kettős foszfolipidmembránba ágyazottan vannak azok a receptorfehérjék, amelyek a sejtközötti tér elemeit kapcsol-

ják a sejten belüli fehérjecsoportokhoz, a citoplazmában lévő sejtvázs (citoszkeleton) elemeihez. Utóbbiak (aktin- és intermedier filamentumok) a magmembrán pórusfehérjéinek és nukleáris matrix közvetítésével hatnak a DNS működésére. Ezt a jelátvitelt nem csupán az extracelluláris mátrixhálózat összetételének változása befolyásolja, hanem a mechanikai terhelés is az

4. ábra. Emberi ízületi porc elektronmikroszkópos felvétele (cuprolinkék festés). A PG-ok (fekete) a sejtmembránhoz, vagy kollagénfibrillumokhoz (nyílak; nem kontrasztosított) kötődtek, egy részük az interfibrillaris térben szabálytalanul oszlik el



ún. „mechanoreceptorok” révén. A külső kémiai, farmakológiai hatások egy része is ezeken a hálózatokon át éri el a porcszövetet. A sejtközötti állomány-sejtmembrán-citoszkeleton-nukleáris matrix-DNS funkcionális kapcsolat megromlása több, az emberi egészségállapotot befolyásoló változáshoz vezet. Ezek alapján tehát érthető, hogy a valamennyi sejtfunkciót befolyásoló sejtközötti állományhálózat további bonyolult hálózatokon át gyakorol hatást a sejt különböző részeire (elsősorban a sejtmembránra) és funkcióira. Ezért kiemelten fontos ezen hálózatok további vizsgálata, ideértve a pozitív hatású beavatkozások támadáspontjának keresését (3–4. ábra).

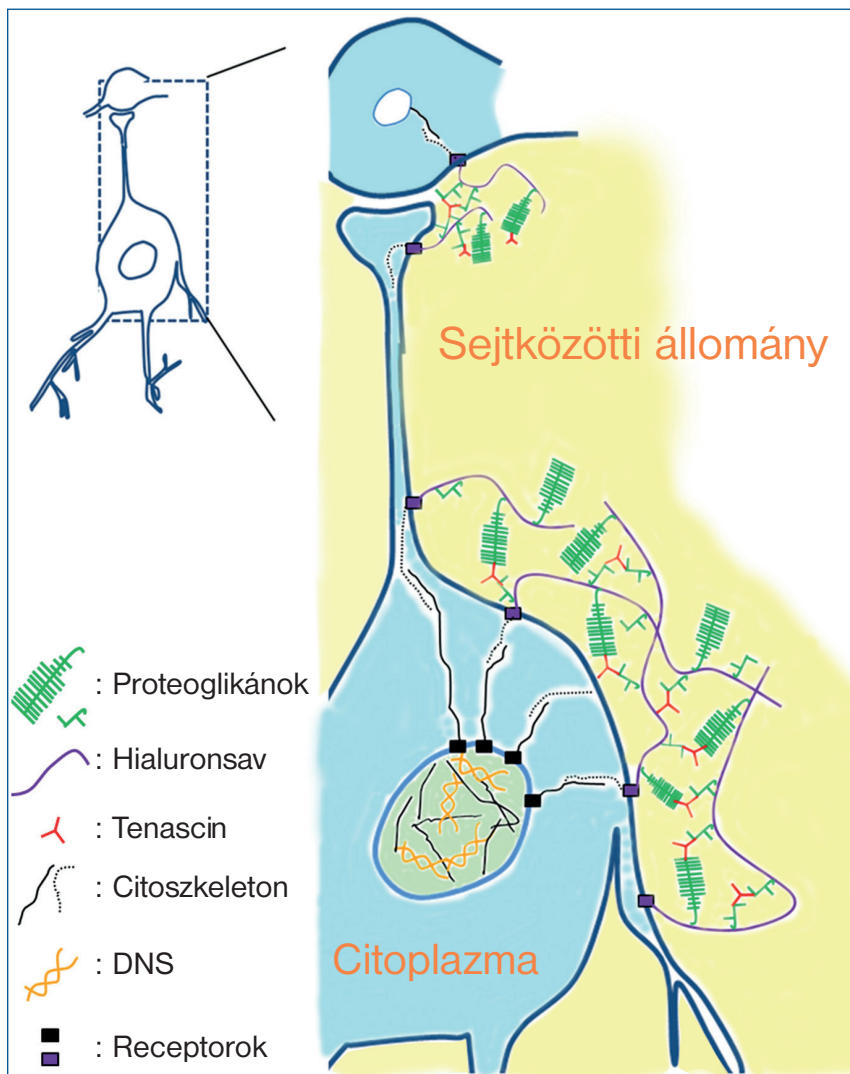
Makromolekuláris hálózatok az agy sejtközötti állományában

Az agy- és gerincvelő, vagyis a központi idegrendszer irányítja és érzékeli minden pillanatunkat, és fenntartja a szervezet belső környezetének állandóságát a folyamatosan változó környezetben. Két fő sejttypus építi fel. Az idegsejtek, vagy neuronok és nyúlványaik (dendrit, axon) az idegrendszer elektromos aktivitásáért felelős sejtjei. A felnőtt agy mintegy százmilliárd neuronja igen összetett hálózatot alkot sokszoros kapcsolataikkal, a szinapszissal, amelyek nyúlványokon vagy a sejttesten vannak. A gliasejtek elektromos jeleket nem továbbítanak, hanem széles és lapos nyúlványaival axonokat borítanak, és azokat elektromosan szigetelik és támasztják (mielin-hüvely), ill. a neuronok anyagcseréjét és működését szabályozzák. Az agy sejtjei tehát igen szorosan helyezkednek el, így a szűk sejtközötti terek az összterületnek csak 10–20% adják.

Már *Camillo Golgi* 1898-as felismerése óta feltételezzük, hogy a neuronok közötti szűk terekben számos eltérő kémiai karakterű molekula van. Sokáig szövettani műterméknek, artefaktumnak gondolták, és tudományos megismerése csak az utóbbi évtizedekben lendült fel az idegrendszer életani és patológiai állapotaiban betöltött szerepének felismerésével. Tehát a porcszövethez hasonlóan, az idegszövetben is dinamikus kapcsolat van a sejtek és sejtközötti alkotók között.

Az idegszövet sejtközötti állománya nem tartalmaz kollagénrostokat, a többi molekula viszont nagyrészt közös a porcival. A glikozaminoglikán karakterű hialuronsav nem elágazó, nem szulfatált szénhidrátlancai hosszan a sejtközötti terekbe nyúlnak, de kapcsolatuk a sejtmembrán termelőenzimeivel és receptoraival megmarad. Idegszövetben a hialuronsav az extracelluláris mátrix fő szervezője, hozzá kapcsolódnak nagy számban a különböző proteoglikánok.

Az idegrendszerben előforduló proteoglikánok szerkezete megegyezik a porcban



5. ábra. A sejtközötti állomány, a sejtmembrán, a citoplazma és a sejtmag funkcionális kapcsolatai idegsejtben

lévőkkel, mégis a tengelyfehérje hossza és a glikozaminoglikán-olcállancok száma alapján jóval változatosabb, sőt vannak közöttük csak idegszövetben termelődők is (pl. neurokán, brevikan). A tengelyfehérje N-terminálisa kötődik a hialuronsavhoz egy link-protein közreműködésével, a C-terminálisa pedig glikoproteinekhez, a tenascinhoz kapcsolódik. Az extracelluláris molekulák e hármas felépítésben (hialuronsav–proteoglikán–tenascin) alkotnak térhálót, azaz mátrixot az idegrendszer sejtközötti tereiben.

Ízületi porcban szerepe elsősorban mechanikai, viszont az idegrendszer szűk sejtközötti tereiben a relatív kis mennyiségű sejtközötti állomány funkcióját kémiai karaktere és sejtfelszíni kapcsolatai határozzák meg. Igen nagy negatív töltéstöbbletet hordoz a karboxiláltsága és szulfatáltsága miatt, emiatt részt vesz extracelluláris molekulák és ionok mozgásának szabályozásában. A neuronok körül halmozott sejtkö-

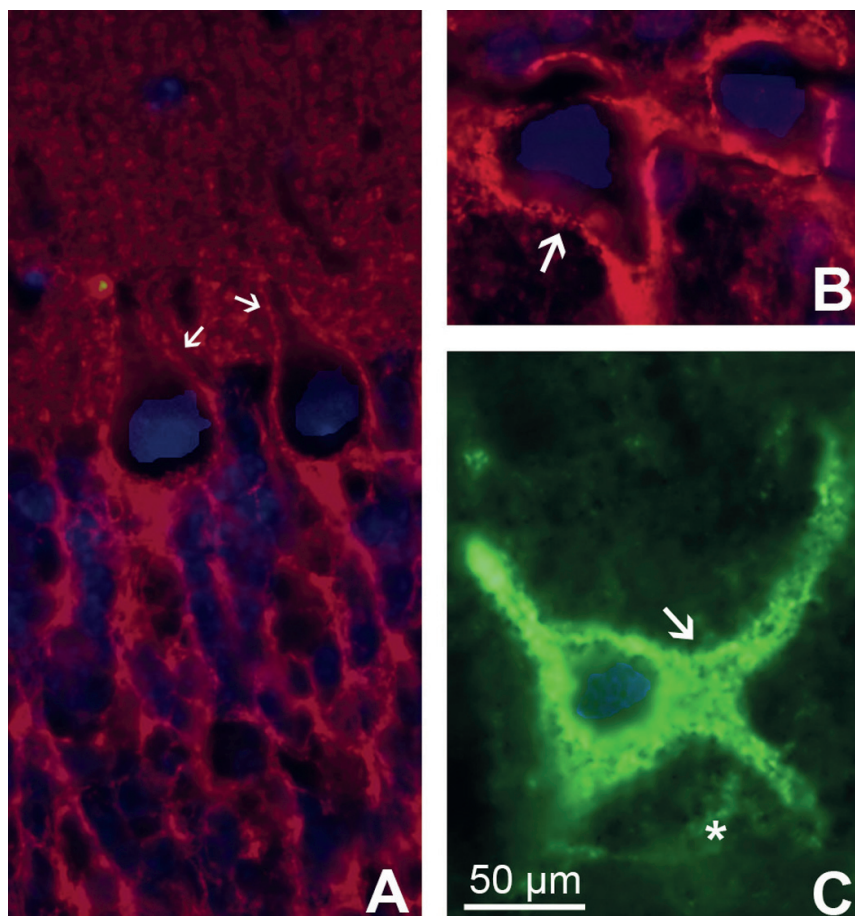
zötti állomány a szinaptikus kapcsolataikat is stabilizálja, mivel sejtmembránokhoz kötött struktúra. Emiatt a szinapszisoknak éppen úgy szerves része a sejtközötti állomány, mint az alkotó sejt elemek. Tanulás, felejtés vagy tapasztalatszerzés során a szinaptikus ingerületátadás erőssége változik, amihez viszont nélkülözhetetlen a szinapszis átmeneti „lazítása”, tehát a sejtközötti állomány átmeneti lebontása. A mátrix folyamatos átépülésben van, hiszen a tapasztalatszerzés élethosszig tartó folyamat. Igen fontos felismerés, hogy a gliasejteredetű agydaganatoknál a tumorsejtek jelentősen átalakítják a környezetükben lévő mátrixot, és ezzel lehetővé teszik erek vagy axonkötegek mentén a terjedésüket. Fontos a molekulák lebontásának és termelődésének, ill. sejtfelszíni kapcsolatainak minél pontosabb megismerése, hogy felfedezhessük új, a kórfolyamatokat lassító terápiás beavatkozások támadáspontjait.

Az idegrendszer sejtközötti terei közel sem egységesek, mert az agy és a gerincvelő régiói adott funkciókhoz köthetők, ami lokálisan meghatározza a termelődő sejtközötti állomány mennyiségét és molekuláris összetételét. Az idegsejtek nyúlványainak bonyolult szövedékében, a neuropilben, látszólag egyenletesen eloszlott, diffúz sejtközötti állomány a jellemző. Valójában viszont megfigyelhető az axonok szinapszis előtti szakaszait borító sejtközötti állományhüvely, az ún. axonal coat, ill. ennek szinapszisa ráterjedő formája is. A neuronokat igen gyakran erős sejtközötti állományakkumuláció, ún. perineuronális háló (PN) veszi körül. A perineuronális hálók az agy minden részén jelen vannak, de csak bizonyos neuronok körül, emiatt számuk eltérő a régiók között. A viszonylag egységes szerkezetű agykéregben is (ennek fejlettsége teszi az embert kivételessé) nagy regionális eltérések vannak a perineuronális hálók számában. A látó- és érzéköregben igen sok a perineuronális hálóval borított neuron, máshol viszont számuk elenyésző (pl. hallókéreg). A perineuronális hálók már magzati korban vagy születés után épülnek fel. Felépülése előtt az adott hálózat kapcsolatrendszere módosulhat, azaz plasztikus, később viszont ennek lehetősége csökken. A látórendszerben a perineuronális hálók teljes kiépülése előtt a rendszer meglehetősen plasztikus, ezért veleszületett hibák, pl. kancsalság miatti tompalátás csak bizonyos életkorig korrigálható, amíg a kancsal szem „megtanulhat” látni (kritikus periódus).

Igen érdekes, hogy más agyi hálózatok plasztikussága viszont fokozódik sérülést követően. Megfigyeléseink szerint az egyensúlyzó rendszer féloldali sérülésének tünete kb. egy hét alatt rendeződnek, ez alatt pedig jelentősen csökken a hialuronsav és a proteoglikánok mennyisége a perineuronális hálókban, ami lehetővé teszi a rendszer kapcsolatainak módosíthatóságát. Hasonló változás zajlik az agyi vérellátás súlyos zavarai utáni kompenzációban is (5-6. ábra).

A mátrixkutatás konklúziói

A sejtközötti állomány a sejtekkel állandó kölcsönhatásban lévő anyag, tehát a korábbi nézetekkel ellentétben, az élő anyag része. Szeretnénk hangsúlyozni, hogy a mátrixmolekulák igen hasonló felépítése ellenére, a sejtközötti állomány biológiai szerepe szövetenként eltér, és felépítése is erősen szövetspecifikus. Fontos kiemelni, hogy a sejtközötti állományt alkotó makromolekuláris hálózatok nem rigid, statikus rendszerek, hanem dinamikus, folyamatos átépülésben lévő struktúrák. A dinamizmust a sejtek és sejtközötti állomány kölcsönös egymásra hatása, valamint számos exogén faktorok (ionok, regulátor fehérjék, hormonok,



6. ábra. A sejtközötti állomány molekuláinak fluorescens hisztokémiai és immunhisztokémiai jelölése a perineuronális hálókban (piros, zöld). (A) Hialuronsav a kisagy Purkinje-sejtjei körül (nyíl); (B) Kondroitin-szulfát proteoglikánok az agytörzsi formatio reticularis nagyméretű neuronjai körül (nyíl); (C) Aggrecan az agytörzsi colliculus superior neuronjai körül (nyíl). (*) Diffúz mátrix a neuropilben. Jól kivehető a neuronok nyúlványait követő mátrixhüvely. Kék: sejtmagok (DAPI)

mechanikus tényezők) mozgatták. Ez azt jelenti, hogy a sejtközötti állomány struktúrájának változása a sejtmembrán molekuláris hálózatán át kémiai „jelet” továbbít a citoszkeletális rendszerhez és végül a sejtmagban lévő DNS-hez. Ezért változik meg a sejtközötti állomány szerkezeti változásának hatására a sejtek génexpressziója, és minden jelentős funkciója. Ezek alapján tehát érthető, hogy a sejtfunkciót befolyásoló sejtközötti állomány további bonyolult hálózatokon át gyakorol hatást a sejt különböző részeire (elsősorban a sejtmagra) és funkcióira. Ezek az egymással kölcsönhatásban lévő dinamikus hálózatok számos kontrollhatás alatt működnek.

Az ízületi porc hosszú távon akkor ma-

rad ellenálló, ha mérsékelt, de krónikus terhelésnek van kitéve, mert a kedvező mechanikai hatások a kondrociták anyagcseréjét proteoglikánban gazdag porcmátrix termelésére készíteti, és ezzel ellenálló képességét növeli/fenntartja. Az idegrendszeri hálózatok is folyamatosan alkalmazkodnak a külvilág ingereire. A tanulási és felejtési folyamatok, vagy a sérülések a sejtközötti állomány folyamatos átépülését indukálják, amelyek az említett kapcsolataikon keresztül hatnak a kapcsolt idegsejtek és a glia anyagcseréjére is.

A különböző szövetek sejtközötti állományának széleskörű ismerete még további új ismeretek felfedezésére vár, hogy jelenlegi ismereteinknél jóval mélyebben is meg-

értjük az élettani és kóros szöveti elváltozások biológiáját. A különböző sejtközötti állományhálózatokra vonatkozó kutatások végső feladata a kórfolyamatokat lassító gyógyszerek célzott tervezése.

Irodalom

- Balazs, E. A. (ed.) (2012) Structure and function of biomatrix. Control of cell behavior and gene expression. Matrix Biology Institute, Edgewater, New Jersey.
- Hay, E. (ed.) (1991) Cell Biology of Extracellular Matrix. 2nd ed. Plenum Press, New York and London.
- Juhász, T., Matta, Cs., Somogyi, Cs., Katona, É., Takács, R., Soha, R. F., Szabó, I. A., Cserhádi, Cs., Szódy, R., Karácsonyi, Z., Bakó, É., Gergely, P., and Zákány, R. (2014) Mechanical loading stimulates chondrogenesis via the PKA/CREB-Sox9 and PP2A pathways in chicken micromass cultures. Cellular signalling. 26: 468–482.
- Hangody, L., Kish, G., Kárpáti, Z., Eberhart, R. (1997) Autogenous osteochondral mosaicplasty for the treatment of focal chondral and osteochondral articular defects. Operative Techniques in Orthopaedics 7:312–322.
- Hangody, L., Kish, G., Koreny, T., Hangody, R. L., and Módis, L. (2010) In: Archer, Ch., and Raps, J. (eds.) Regenerative medicine and biomaterials for the repair of connective tissue. CRC Press, Boca Raton, Woodhead Publ. Ltd., Oxford, 201–226.
- Kiviranta, I., Jurvelin, J., Tammi, M., Säämänen, A-M., and Helminen, H. J. (1988) Moderate running exercise augments glycosaminoglycans and thickness of articular cartilage in the knee joint of young Beagle dogs. J. Orthop. Res. 6:188–195.
- Kiviranta, I., Tammi, M., Jurvelin, J., Säämänen, A-M., and Helminen, H. J. (1994) Articular cartilage thickness and glycosaminoglycan distribution in the canine knee joint after strenuous running exercise and remobilization of the casted limb. Orthop. Res. 12: 161–167.
- Kuettner, K., E., Schleyerbach, R., Peyron, J.G., and Hascall, C.C. (eds.) (1992) Articular cartilage and osteoarthritis. Raven Press, New York.
- Módis, L. (1991) Organization of the Extracellular Matrix: A Polarization microscopic approach. CRC Press, BocaRaton, Ann Arbor, Boston.
- Módis, L., and Felszeghy, Sz. (2012) The spatial orientation pattern of proteoglycan and glycosaminoglycan molecules in the biomatrix of the hyaline cartilage. In: Balazs, E.A., and Hargittai, M. (eds.) Tivadar Huzella. Scientist and Humanitarian. MatrixBiology Institute, Edgewater, New Jersey, 155–173.
- Gaál, B. (2014) Organization of extracellular macromolecules in the vestibular nuclear complex of the rat and frog, and their possible role during compensation. Ph.D. Disszertáció. <https://dea.lib.unideb.hu/dea/>
- Dityatev, A., Rusakov, D. (2011) Molecular signals of plasticity at the tetrapartite synapse. Curr. Op. in Neurobiology. 21:353–359.
- Kwok, J., Dick, G., Wang, D., Fawcett, J. (2011) Extracellular matrix and perineuronal nets in CNS repair. Dev. Neurobiology. 11:1073–89.

Köszönetnyilvánítás

A szerzők köszönetet mondanak Ádány Róza és Matesz Klára professzoroknak a hasznos kritikái észrevételeikért, Király Zoltán informatikusnak az ábrák szerkesztésében nyújtott segítségéért, valamint Horváth Tímea és Pálné Terdik Tünde laboratóriumi analitikusoknak áldozatos munkájukért.

A bemutatott kutatást az OTKA 46615 és az OTKA K67641 számú pályázata támogatta.

Lapunk régebbi számai megvásárolhatók Kiadónkban, a Tudományos Ismeretterjesztő Társulatnál. Címe: 1088 Budapest, Bródy Sándor utca 16.

Az agy hálózati dinamikája

Az agyban minden egyes idegsejt (neuron) átlagosan 10^4 neuronnal áll szinaptikus kapcsolatban [1], így az agy mintegy százmilliárdnyi neuronja ezer trilliónyi szálon alkot komplex térbeli hálózatot. Ebben a *komplex*, azaz *összetett* anatómiai hálózatban térben és időben dinamikus változó funkcionális összeköttetések jönnek létre. Ez a hálózat – komplex dinamikája révén – számos olyan globális, minőségileg új tulajdonságot hordoz, mely a lokális szinteken nem jelenik meg, azaz: *a komplex rendszer több, mint elemeinek összessége* [2, 3].

Az agyi hemodinamika mint az agyi neurodinamika lenyomata

Az agyban az idegsejteket és az azokat el látó mikroereket nagyszámú gliasejt veszi körül, melyek összeköttetések révén együttesen ún. *neurovaszkuláris egységet* alkotnak. Ennek sejtjei egymással szoros funkcionális kapcsolatban állnak, mely *neuro-metabo-vaszkuláris csatolásként* [4, 5, 6] ismert. Ebben a szervezett rendszerben történik az idegi aktivitás által elindított sejt-szintű mechanizmusok útján az agyi szöveti vértartalom, véráramlás térben és időben egyaránt változó jellegű szabályozása (1. *hemodinamikai fluktuáció*). Mivel az agyi hemodinamikai fluktuációk komplexitása elválaszthatatlanul kötődik az agyi neuronális hálózatok dinamikai komplexitásához (1. *ábra*), ezért a mágneses magrezonancia képalkotás (MRI) a különböző régiókban nyugalmi állapotban rögzített lokális hemodinamikai válaszokból keresztkorrelációs vizsgálattal képes agyi funkcionális hálózatokat azonosítani. Világossá vált, hogy az agyban a dinamikus kapcsolatok nemcsak közeli idegsejtcsoportok között (ún. erős kapcsolatok), hanem makroszkopikus léptékben is kialakulnak (ún. gyenge kapcsolatok) (1. *ábra*) [1, 3].

Az agy átfogó neurodinamikai és regionális hemodinamikai mintázata egyaránt fraktális

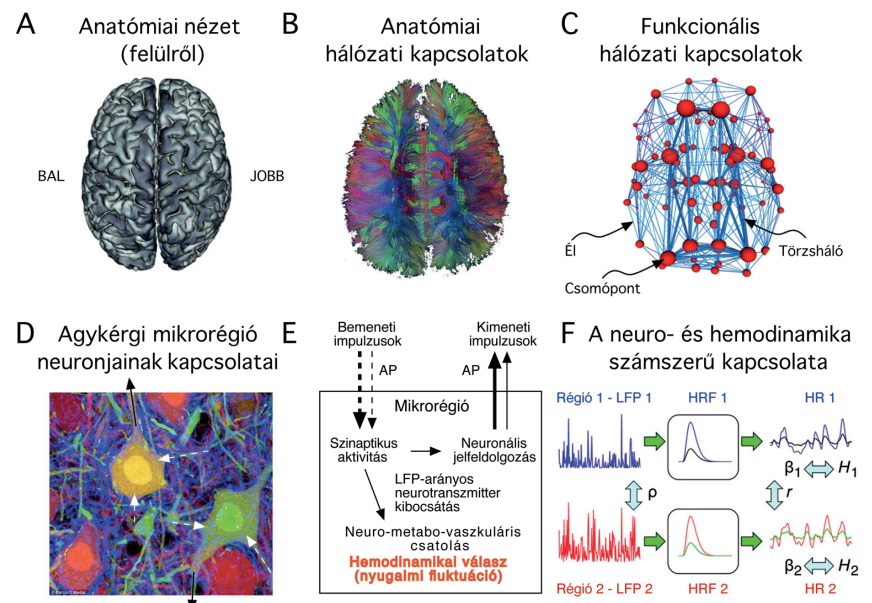
Az agyi komplex működés stabilitásának és egyben érzékenységének egyik alapja az ún. *önszerveződő kritikus állapot* [8], mely a termodinamikailag nyitott, nemegyensúlyi rendszerekben *spontán* alakulhat ki. A há-

lózatot ért behatás (mely lehet belső vagy külső eredetű) miatt a rendszer egyensúlyi állapotából bár kibillen, de kellően kismértékű, és a hálózat relaxációs idejéhez képest lassú perturbáció esetén abba vissza is tér, miközben a behatás által keltett fluktuáció a rendszer elemein eloszlik [3]. A rendszer egyensúlyi állapotba való visszatérésének ideje függ a fluktuáció nagyságától, illetve a rendszer elemeinek áteresztőképességétől. Amennyiben a rendszer bizonyos pontjai az aktivitás egyenlőtlen eloszlása miatt túlterheltté válnak, akkor a többletként jelentkező aktivitás a vele összeköttetésben álló elemek között szétoszlik. Ha a szomszédos elemek is rendre túlterhelődnek, akkor a rendszerben térben és időben skálafüggetlen (azaz fraktális) hálórégés alakul ki [8]. Az agy esetében a neurodinamika hálórégésszerű átrendeződése utal a

működés kritikusán önszerveződő jellegére [9, 10, 11].

Ezzel összefüggésben jelenik meg az *időbeli skálafüggetlenség* [12, 13], aminek oka az, hogy bizonyos rendszereredetű események előfordulási valószínűsége $1/f^\beta$ jellegű kapcsolatban áll az események által reprezentált aktivitással, ahol β a fraktalitás mértékét jellemző ún. spektrális index (1. *blokk*, 2. *ábra*). Más szavakkal: a teljesítményspektrumot az alacsonyfrekvenciájú komponensek dominálják; míg az egy nagyságrenddel nagyobb frekvenciájú komponensek rendre egy nagyságrenddel kisebb teljesítménnyel jelennek meg. Az $1/f^\beta$ spektrum a természeti jelenségek széles körében általánosan megfigyelhető fraktális tulajdonság [12, 13], melyet a komplex viselkedés egyik jelének tekintünk. A kritikus állapot kialakulásának skálafüggetlen

1. *ábra*. Az agy anatómiai és funkcionális hálózati kapcsolatainak feltárása MRI–diffúziós-képalkotással (B) és fMRI–BOLD-jelek gráfelméleti elemzésével (C). Egy agykérgi mikrorégió nagyszámú bemeneti (szaggatott vonal) és kimeneti (folyamatos vonal) (D) erős (vastag nyíl) és gyenge (vékony nyíl) neuronális impulzusokat (AP: akciós potenciál) közvetítő kapcsolattal kötődik a szomszédos és távoli neuronokhoz (E). A bemeneti aktivitással (helyi mezőpotenciál, local field potential, LFP) arányos hemodinamikai válasz (hemodynamic response, HR) a neuro-metabo-vaszkuláris csatolás révén jön létre (E), amit a hemodinamikai válaszfüggvény (hemodynamic response function, HRF) számszerűsít (F). Két régió hemodinamikai fluktuációinak (HR 1 és HR 2) keresztkorrelációja (r) a bemenetek közötti neurodinamika (LFP 1 és LFP 2) keresztkorrelációjával (ρ) arányos. A regionális fraktalitás mérőszámai ($\beta_1, \beta_2, H_1, H_2$) a temporális korrelációs struktúrán túl információt hordoznak a globális agyi neurodinamikáról és kapcsolatrendszeréről is (Forrás: A, C [23], B, D [24], F [25] alapján)



A fraktális tulajdonságok számszerű jellemzése

Hatványfüggvény alakú skálázási összefüggés

Ha egy ideális fraktális idősor μ mértékét (számszerűsített tulajdonságát) s egységekben (s skálán, $1/s$ felbontással) határozzuk meg, akkor annak értéke s -től az alábbi skálatörvény szerint függ [13, 15, 16]

$$\mu = p \cdot s^\varepsilon, \quad (1)$$

ahol p egy arányossági tényező (prefaktor), ε pedig a skálaexponens.

Ha az **1. egyenletet** valós jelekre alkalmazzuk, a paramétereket kétszer logaritmikus (log-log) koordináta-rendszerben ábrázolva azok egy ε -meredekségű egyenes mentén, különböző mértékben szórta helyezkednek el, ugyanis statisztikai fraktálokra – mint az agyi hemodinamikai idősorok – nézve a két oldal csak eloszlásában egyenlő (jelölése $=_d$)

$$\log \mu =_d \log p + \varepsilon \cdot \log s. \quad (2)$$

A PSD (Power Spectral Density, spektrális)-módszer esetére

$$\log A_n^2 =_d \log p + \beta \cdot \log f_n, \quad (3)$$

ahol A a teljesítménysűrűség eloszlásának (spektrum) amplitúdója, β a spektrális index, mely a spektrum meredekségének negatív értéke és f a harmonikus (szinuszos-koszinuszos) komponensek frekvenciája.

A monofraktális SSC (Signal Summation Conversion)-módszer esetében az összefüggés

$$\log S_\sigma =_d \log p + H \cdot \log s, \quad (4)$$

ahol S_σ az s -függő szórásokból számított skálázási függvény amplitúdója, H a Hurst-exponens.

A multifraktális SSC-módszer formalizmusa [17] szintén követi a **2. egyenletét**

$$\log S_\sigma =_d \log S_\sigma(N) + H(q) \cdot (\log s - \log N), \quad (5)$$

ahol N a jelhossz, q pedig a jel momentumának rendje.

β , H és $H(q)$ meghatározásának lényege tehát a log-log ábrázolt amplitúdók lineáris regressziós elemzése.

Az fGn/fBm keretrendszer

A fraktális idősorelemzés egyik egyszerű, de szemléletes modelljének két osztálya az ún. „fractional Gaussian noise (fGn)” (fraktális zaj), illetve a „fractional Brownian motion (fBm)” (fraktális mozgás, bolyongás) típusú folyamatok mintavételezett sorai [12, 14, 15] (idősor, jel, fGn- és fBm-jel) (**2A. ábra**). Az fGn sztochasztikus idősorosztály stacionárius (statisztikai tulajdonságai időben változatlanok), melynek alapvető jeltípusa a Gauss-i véletlen, azaz fehér zaj. A Gauss-i zaj egyes értékei egymástól függetlenek – korrelálatlanok –, valószínűség sűrűségfüggvényük normál (Gauss-)eloszlást követ. Az fGn-

jelosztályba tartozó idősorok közös tulajdonsága, hogy az időbeli távolság (késleltetés) szerint lecsengő autokorrelációjuk hatványfüggvényt követ, melynek skálázási kitevője szoros összefüggést mutat a fraktális idősorokat az időtartományban jellemző Hurst-exponenssel. Az fGn-jel kumulált – diszkrét értelemben integrált, összegzett – értékei nemstacionárius fBm-jelet képeznek, melynek statisztikai tulajdonságai időben változnak. Értelmszerűen az fBm-jelek differenciálással előállítható növekményfolyamata maga az fGn-jel. A Gauss-i zaj kumulálásával kapott fBm-jel speciális, mely a szakirodalomban véletlenszerű bolyongásként („random walk”) ismert. Az fBm-jelosztályba tartozó idősorok közös tulajdonsága a (fraktál)geometriai értelemben vett és ezért fraktális dimenzióval jellemezhető önhasonlóság. Ez az egyszerű de erőteljes köztudatú modell alkalmas a valós jelek modellezésére és a jelosztály ismeretében a megfelelő analitikai módszer kiválasztására egyaránt.

Önhasonlóság

Egy fBm-jel, X_i , önhasonló tehát fraktális, mert egy n hosszúságú mintavételezett szakasza, $X_{i,n}$, eloszlásában egyenlő ($=_d$) a jel egy hosszabb $X_{i,sn}$ szakaszával akkor, ha az utóbbit s^{-H} -val átskálázzuk. Ezért egy n hosszúságú fBm-jel minden statisztikai jellemzője, m_n , arányos n^H -nal

$$X_{i,n} =_d s^{-H} X_{i,sn}, \quad (6)$$

$$m_n =_d p n^H. \quad (7)$$

Az fGn-jel – bár nem rendelkezik önhasonló tulajdonságokkal – fraktális jelként kezeljük, mert autokorrelációs struktúrája önhasonló. Az azt leíró autokorrelációs együttható és a legközelebbi szomszédok közötti korrelációs együttható, r_1 , egyaránt H függvényeként adódik

$$r_1 = 2^{2H-1} - 1. \quad (8)$$

Skálázási intervallum

Valós idősorok esetében a skálázási tartomány (scaling range, SR) az ideális idősorokkal szemben az abszolút méretskálának csupán egy meghatározott, véges tartományára terjed ki

$$SR = \log_{10} \left[\frac{S_{\max}}{S_{\min}} \right], \quad (9)$$

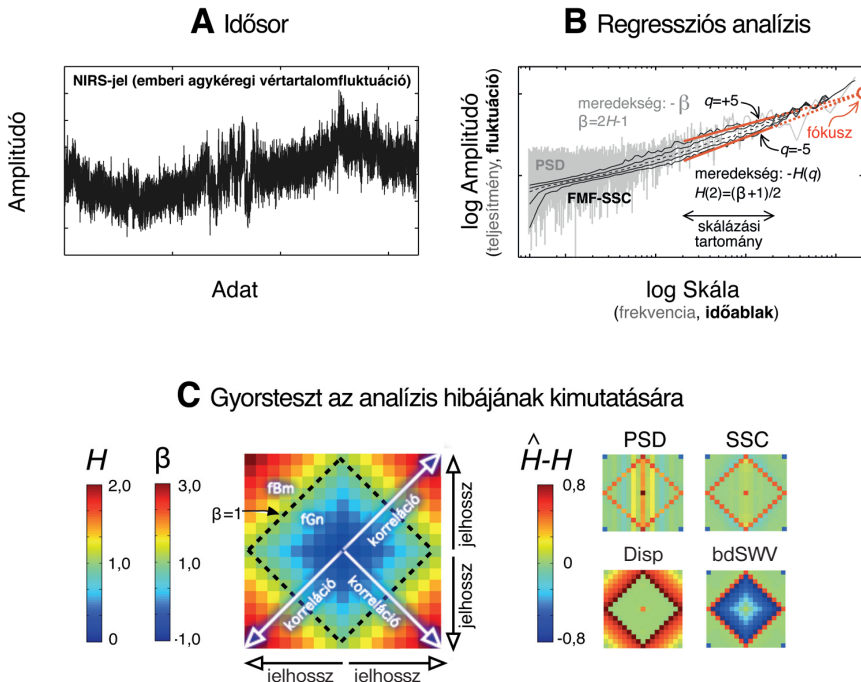
ahol $s_{\max}$ a legnagyobb, és $s_{\min}$ a legkisebb időskálát jelenti. Ennek meghatározása a fraktális analízis egyik előfeltétele (**2. és 3. ábra**), ugyanis a skálafüggetlen, önhasonló, tehát fraktális jelleg a természetben előforduló folyamatokat reprezentáló idősorok esetében csak ebben a tartományban van jelen.

A fraktális idősoranalízis

Az agyi hemodinamikai fluktuációk fraktális vizsgálatának célja egy vagy több fraktális tulajdonság azonosítása [15, 16]. Ehhez a fluktuáló jelek modellszerű szemlélete szükséges (**1. blokk, 2A. ábra**), mely elengedhetetlen a megfelelő analízis kiválasztásához is [15]. Hipotézisünk az, hogy a jel mintázata skálafüggetlen fluktuációkból épül fel. Az alkalmazott módszer a **2. egyenlet** formalizmusát követi: log-log mér-

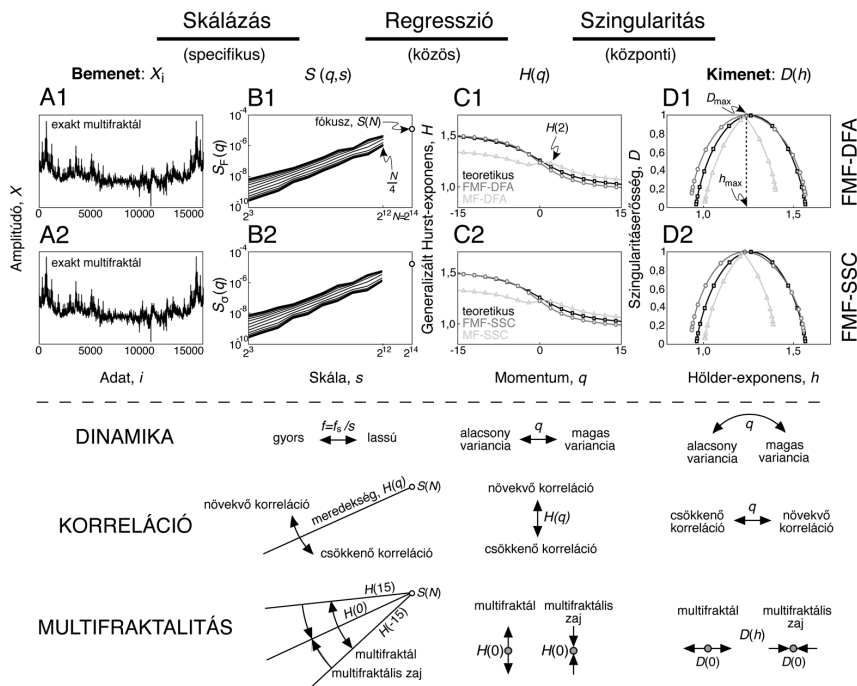
topológiája és az időben szintén skálafüggetlen módon kialakuló neuro és a neurovaszkulárisan kapcsolt hemodinamikai fluktuációk egyazon jelenség megnyilvánulásai. Ennek alapját az agyi idegsejtek hálózatának nemegyensúlyi, magasan szervezett (komplex, érzékeny, kritikusan önszerveződő) állapota képezi, amit az agy jelentős információ- és így energiaátáramlás révén tart fenn. Valóban megállapították [6, 14], hogy az idegsejtek által felhasznált energia legnagyobb hányada a nyugalmi – tehát min-

den külső szenzoros és belső mentális behatás nélküli – spontán, ún. „intrinsic” aktivitás fenntartására fordítódik, melynek megnyilvánulása a nyugalmi fMRI-BOLD-fluktuáció (funkcionális magrezonancia képalkotás, fMRI, a vér oxigéntartalmától függő paramagnetikus jel, blood oxygen level dependent, BOLD). Ennek megfelelően a nyugalmi alacsony frekvenciás ($< 0,1$ Hz) fMRI-BOLD-fluktuáció keresztkorrelációja agyi makroszkópikus hálózati rendszereket azonosít (**1C. ábra**) [6].



3. ábra. A fraktális idősoranalízis alapvető lépései. Idősor képzése (A) monofraktális analízis a frekvenciatartományban (B, PSD) és multifraktális analízis az időtartományban (B, FMF-SSC). Gyors teszt a módszerek hibájának kimutatására (C). Osztályfüggetlen (PSD, SSC) és osztályfüggő módszerek (diszperziós, Disp és bridge-detrended scaled windowed variance, bdSWV) (Forrás: C [19] alapján)

4. ábra. A fókuszalapú multifraktális formalizmus lépéseinek áttekintése. Az MF-SSC- és FMF-SSC-módszerek mellett összehasonlításként egy széles körben elterjedt (multi)fraktális analízis (multifractal detrended fluctuation analysis, MF-DFA és FMF-DFA) szerepel. A bemeneti idősort ismert $H(q)$ függvényből kiindulva állítottuk elő. Vegyük észre, hogy az FMF-módszerek a teoretikus függvényekkel gyakorlatilag megegyező $H(q)$ és $D(h)$ függvényeket adnak, míg a standard MF-módszerek torz függvényekre vezetnek. Az egyes függvényekből egyértelműen „kiolvasható” a hemodinamikai komplexitás három fő ismérve: a dinamika, a korreláció és a multifraktalitás (alsó panel) (Forrás: A [17] alapján)



vad, melynek Hurst-exponense a momentum rendjétől független.

Az analitikai módszerek tesztelése

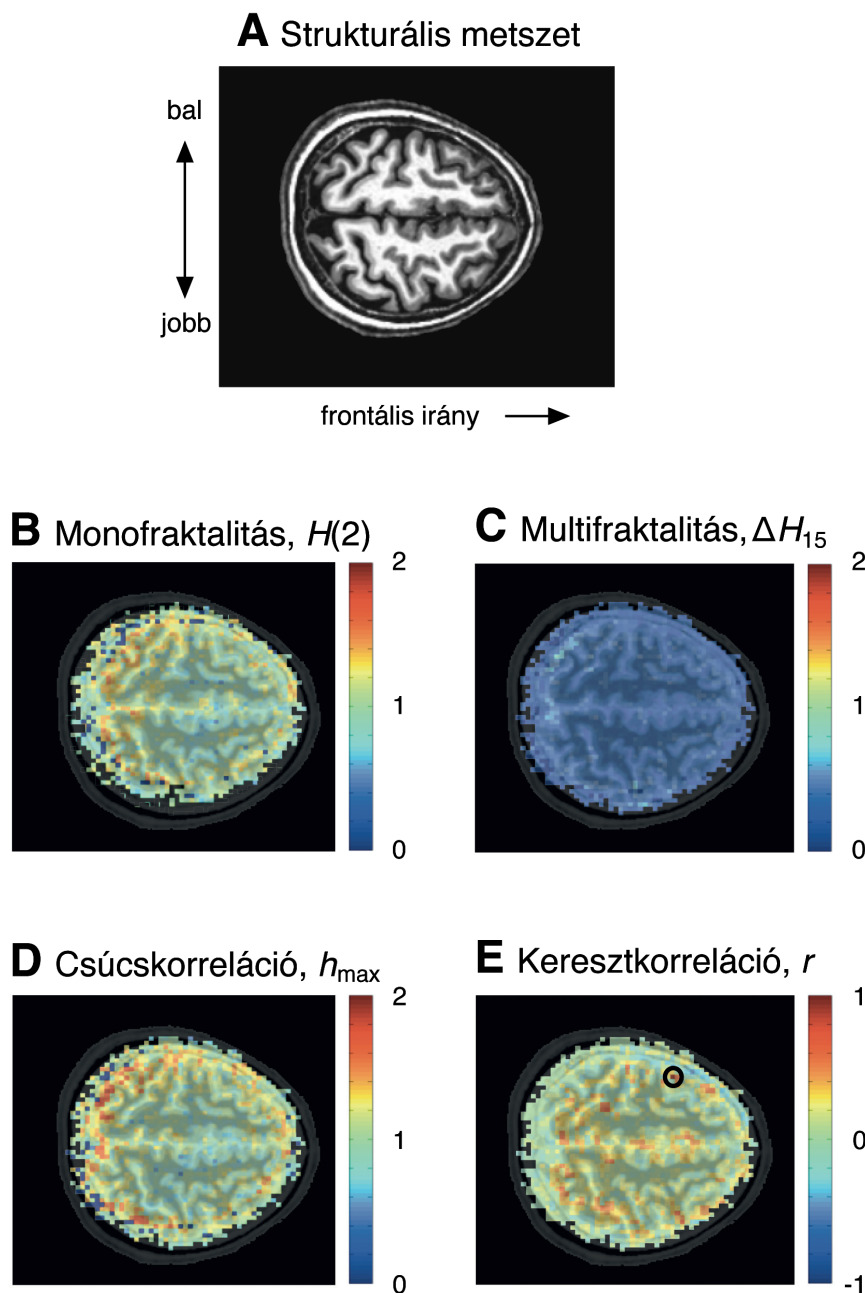
A fraktális analízis alapvetően összetett, ezért szükséges, hogy a módszert a jelosztálynak megfelelően válasszuk ki és, hogy alkalmazása előtt győződjünk meg az eredmények hibájáról (3C. ábra) [15, 17, 18, 19]. Erre az fGn/fBm modell alapján (1. blokk) kidolgozott gyors tesztünk kínál megoldást [19]. Ez egy numerikus eljárás, melynek alapja ismert fraktális autokorrelációs struktúrájú (tehát ismert H -jú) és eltérő jelhosszúságú jelek tömbbe szervezése (3C. ábra, balra) és a tömb értékelését követően a becült és ismert H értékek különbségének színskódolt ábrázolása (3C. ábra, jobbra). Így egy pillantással megállapítható, hogy a vizsgált módszer milyen jelosztályra alkalmazható, valamint, hogy a jelhossz csökkenésével milyen mértékben nő az analízis hibája. A gyors tesztet a multifraktális módszerek vizsgálatára is alkalmazható.

A folyamatok multifraktális analízise

Amikor a skálázási tulajdonság nem globálisan, hanem lokálisan jelentkezik, akkor a Hurst-exponens a momentum rendjétől (q) függővé válik, amit az FMF-SSC-módszerünk példáján szemléltetünk [17]. A multifraktális skálázási tulajdonság egy adott q -tartományon belül (ez tipikusan $-15 < q < +15$) az ún. generalizált Hurst-exponensben ($H(q)$) ragadható meg (3B. ábra). $H(q)$ tehát a jelben jelen lévő q szerinti heterogén skálázási tulajdonságot írja le. A $H(q)$ függvény $q = 2$ -nél vett $H(2)$ értéke a multifraktális jel globális skálázási tulajdonságát, azaz a jel monofraktalitását jellemzi.

A multifraktális analízis végpontja a szingularitási spektrum, $D(h)$, ahol D a szingularitások erőssége (azaz ezek Hausdorff-dimenziója) és h a jel lokális „szűrősségének” mértéke, a Hölder-exponens. Az ehhez szükséges numerikus lépéseket multifraktális formalizmusként említjük [20], melynek részletes ismertetése meghaladja jelen cikk kereteit, ezért igyekszem csupán a lényegi vonatkozásokra szorítkozni. Több módszer ismeretes $D(h)$ meghatározására. Az ún. közvetlen út irányú idősor (X_i) → Hölder-trajektória ($h(t)$) → szingularitás-spektrum ($D(h)$), míg a közvetett út az (X_i) → X_i -momentumok → átmeneti skálázási függvény ($S(q, s)$) → regressziós analízissel $H(q)$ → multiskálázási exponens függvény ($\tau(q)$) → Legendre-transzformáció révén $D(h)$ számolása. Ez utóbbi lépés az indirekt eljárást numerikusan bizonytalanná teszi ezért – egyéb előnyei ellenére – eddig háttérbe szorult a közvetlen eljárással szemben.

Ezt a helyzetet a fókuszalapú multifraktális formalizmusunk (FMF) alapvetően



5. ábra. Az emberi agy MRI-módszerrel (A) rögzített fMRI–BOLD hemodinamikai fluktuációinak fraktális (B, C, D) és keresztkorrelációs topológiája egy agykérgi régió (körrel jelezve) vonatkozásában (E)

megváltoztatta [16]. Ennek lényege az a felismerés, hogy a skálázási függvénynek sajátos legyezőszerű geometriája van, melyben valamennyi q szerinti fluktuációs profil a legnagyobb skálánál, azaz a jelhossznál egyetlen pontban, a „fókusz”-ban ($S(q, N)$) találkozódik (3B., 4B1., és 4B2. ábra). Eddig általános eljárás volt (mint pl. a széles körben elterjedt MF–DFA-módszer esetében is [21], hogy $S(q, s)$ meredeksége q -ként egyenként – azaz a monofraktális megközelítésnek és gyakorlatnak megfelelően [22] (!) – került meghatározásra, mely szük-

ségszerűen és előre nem látható módon a $H(q)$ függvény és a multifraktális formalizmus valamenyi további függvényének torzulásához és így az analízis mélyreható hibájához vezetett (4D1. és 4D2. ábra). Ezzel szemben, az FMF-megközelítés a fókusz referenciaként használva valamenyi $S(q, s)$ fluktuációs profilra egyszerre illeszti a $H(q)$ függvényt, azaz egy ideális geometriájú multifraktált (3B., 4D1. és 4D2. ábra). Ily módon az FMF-formalizmus minden elemében valóban multifraktálissá válik. Mind a fókusz, mind pedig a legjobban

illeszkedő $H(q)$ függvény meghatározása az analízis regressziós fázisában egy iteratív, egyre finomodó pontosságú folyamat eredményeként valósul meg. Mivel $H(q)$ ideális szerkezetű, így a multifraktális formalizmus $D(q)$ -n és $h(q)$ -n keresztül érvényesülő determinizmusa $D(h)$ lehető legpontosabb meghatározását biztosítja. Az FMF-eljárás az ismert multifraktális módszerek széles körére adaptálható azáltal, hogy a módszer specifikusan definiált *mértékeknek* megfelelő közös $S(q, s)$ függvényeket állítunk elő. A mérték az FMF–DFA-módszer esetében a *fluktuáció* (4B1. ábra, $S_F(q, s)$), az FMF–SSC-módszerünk esetében pedig a *szórás* (4B2. ábra, $S_\sigma(q, s)$).

$D(h)$ fordított parabolikus alakjának megfelelően egy adott multifraktális folyamatot a Hölder-exponensek $[h_{-\infty}, h_{+\infty}]$ halmaza felett reprezentál (4. ábra D1 és D2 panel). A multifraktalitás jelenlétére utal a legyezőszerűen elterülő $S(q, s)$ -függvények egymással bezárt szöge, a $H(-15)$ és $H(15)$ értékek különbsége (ΔH_{15}), vagy pedig ebből következő módon a $D(h)$ szárainak széttartása.

Az emberi agy fraktális hemodinamikai fluktuációjának topológiája

Az emberi agy hemodinamikai fluktuációját multifraktálisnak találtuk (5C., 5D. ábra). A topológiát (azaz a térbeli mintázatot) illetően megállapítható, hogy a monofraktalitás ($H(2)$), a csúcskorreláció ($h_{\max}$) és a multifraktalitás (ΔH_{15}) emelkedett értékei tipikusan az agykérgi szürkeállományban találhatók. Ennek értelmezésében az 1. ábrán ismertetett viszonyok mérvadónak tekinthetők, hiszen a kérgi neuronális bemeneti kapcsolatok a neuro-metabó-vaszkuláris csatoláson keresztül aktivitásfüggő módon alakítják a hemodinamikai válaszsorozatból felépülő nyugalmi fluktuációt. Ezzel összhangban az fMRI–BOLD-jelek keresztkorrelációjának topológiáját (5E. ábra) a fraktalitásához hasonlóan találjuk (5C., 5D. ábra). Ez további motivációt jelent számunkra, hogy az agyi hemodinamikai jelek regionális *fraktális autokorrelációjának* (l. 1F. ábra, β és H) és a régiók közötti – *keresztkorreláció*-nak (l. 1F. ábra, r) együttes vizsgálatával részletesebben feltárjuk a komplex globális agyi neurodinamika regionális megjelenésének mechanizmusát. ✨

Köszönetnyilvánítás

A szerző köszönetét fejezi ki Nagy Zoltánnak és Mukli Péternek (Simmelweis Egyetem, Klinikai Kísérleti Kutató- és Humán Élettani Intézet) értékes közreműködésükért, valamint Vidnyánszki Zoltánnak és Gál Viktorának (MTA, Természettudományi Kutatóközpont) a humán MRI–BOLD-idősorokért.

A bemutatott kutatást részben az Országos Tudományos Kutatási Alapprogramok (OTKA), a Nemzeti Információs Infrastruktúra Fejlesztési (NIIF) Program és a National Institutes of Health (NIH) támogatta (OTKA 2040, E012235, T016953, T34122, NIH TW00442).

Irodalom

- [1] Buzsáki, G. Rhythms of the Brain (Oxford University Press), (2006).
- [2] Albert, R., Barabási, A. L. Statistical mechanics of complex networks. Rev. Mod. Phys., 74:47–97 (2002).
- [3] Csermely, P. A rejtett hálózatok ereje: mi segíti a világ stabilitását? (Vince Kiadó, Budapest), (2005).
- [4] Cauli, B. & Hamel, E. Revisiting the role of neurons in neurovascular coupling. Front. Neuroenergetics 2:9 (2010).
- [5] Hyder, F. et al. Neurovascular and Neurometabolic Couplings in Dynamic Calibrated fMRI: Transient Oxidative Neuroenergetics for Block-Design and Event-Related Paradigms. Front. Neuroenergetics 2:1–11 (2010).
- [6] Raichle, M. & Mintum, M. Brain Work and Brain Imaging. Annu. Rev. Neurosci. 29:449–476 (2006).
- [7] Sporns, O. The human connectome: a complex network. Ann. N.Y. Acad. Sci. 1224:109–125 (2011).
- [8] Bak, P. et al. Self-organized criticality: An explanation of the 1/f noise. Phys. Rev. Lett. 59(4):381–384 (1987).
- [9] Beggs, J. M., & Plenz, D. Neuronal Avalanches in Neocortical Circuits. J. Neurosci. 23(35):11167–11177 (2003).
- [10] Chialvo, D. R. Critical brain networks. Phys. A 340:756–765 (2004).
- [11] Ouellette, J., A fundamental theory to model the mind. Quanta Magazine (2014). Elérhető: <https://www.quantamagazine.org/20140403-a-fundamental-theory-to-model-the-mind/>
- [12] Mandelbrot, B. B. The fractal geometry of nature (W. H. Freeman and Co., New York), (1983).
- [13] Eke, A. Fraktál, kaosz, élettani komplexitás (Scientia Kiadó, Studia Physiologica, Budapest), (2003).
- [14] Fox, M. D. & Raichle, M. E. Spontaneous fluctuations in brain activity observed with functional magnetic resonance imaging. Nat. Rev. Neurosci. 8, 700–711 (2007).
- [15] Eke, A. et al. Physiological time series: distinguishing fractal noises from motions. Pflugers. Arch. 439:403–415 (2000).
- [16] Eke, A. et al. Fractal characterization of complexity in temporal physiological signals. Physiol. Meas. 23:R1–R38 (2002).
- [17] Mukli, P. et al. Multifractal formalism by enforcing the universal behavior of scaling functions. Phys. A 417:150–167 (2015).
- [18] Hartmann, A. et al. Real-time fractal signal processing in the time domain. Phys. A 392:89–102 (2013).
- [19] Eke, A. et al. Pitfalls in fractal time series analysis: fMRI BOLD as an exemplary case. Front. Physiol. 15(3):417–424 (2012).
- [20] Barabási, A. L., & Vicsek, T. Multifractality of self-affine fractals. Phys. Rev. A 44, 2730–2733 (1991).
- [21] Kantelhardt, S. A. et al. Multifractal detrended fluctuation analysis of nonstationary time series. Phys. A 316:87–114 (2002).
- [22] Peng, C. K. et al. Mosaic organization of DNA nucleotides. Phys. Rev. E 49:1685–1689 (1994).
- [23] Heuvel, M. P. V. D & Sporns, O. Rich-club organization of the human connectome. J. Neurosci. 31:15775–15786 (2011).
- [24] Waugh, R., Land of dreams: Harvard scientists map most complicated terrain in the universe - the inside of the brain. Daily Mail Online (2012). Elérhető: <http://www.dailymail.co.uk/sciencetech/article-2154368/Somewhere-brainbow-New-3D-maps-brain-will.html>
- [25] Liu, T. T. Neurovascular factors in resting-state functional MRI. NeuroImage 80:339–348 (2013).

SVETELSZKY ZSUZSANNA

Hálózat nélkül nincs terjedés

Az omerta a szicíliai becsületkódexben a hallgatás törvénye. A mafia legfőbb parancsa valójában a terjedés ellentette – szigorú érthető: az élet egyik legalapvetőbb folyamata ellenében rendelkezik. A terjedés témája a természettudományban és a társadalomkutatók számára egyaránt jelentős kérdéseket vet fel, melyek nagy része mind a mai napig megválaszolatlan. Mitől terjed a vélemény? Minek a változtatásával lehet a legjobban befolyásolni a terjedést? Hogyan kezdődik egy adott folyamat terjedése, s mi a végstádiuma – hogyan hal ki, tűnik el egy szokás, divat, norma?

A terjesztés egyik alapvető oka az emberi lények utánzásra való hajlama. Az úgynevezett érzelmi megfertőzés kezdetben feltehetőleg az anya–gyermek kapcsolat megerősítését szolgálta, majd fokozatosan kiterjedt a rokonságra, a kisebb-nagyobb közösségekre. Az érzelmi megfertőzés az együttműködés összehangolását segíti elő. A jó hangulat egy sor teljesítményfokozó tényező erősödését vonja maga után, növekedik csoportunk tagjainak kreativitása és hatékonyabbá válik a döntéshozatal.

Két ember interakciója során a különböző tartalmak, a kommunikáció terjesztése ősi, biológiailag meghatározott kommunikációs szükségletet elégít ki, amely a közösség összességének korai felismerésén alapul. Amikor képesek vagyunk arra, hogy mögöttes mentális állapotokat tulajdonítsunk társainknak, akkor egyúttal bele tudjuk képzelni magunkat az ő helyükbe. Lehetnek vágyaink és szándékaink társaink mentális állapotaival kapcsolatban – például megváltoztatandó azokat.

A változások több szinten zajlanak, ezek közül a leglényegesebb a terjedő tartalom témájának a szintje: jellemzően nem transzformálódik a terjedés szerkezetének legstabilabb egysége. A következő az egyéni szint: a terjedéssel kapcsolatban kialakított sajátos viszony szintje – a „mi terjed”, és „hogyan” kérdése kiegészül azzal is, hogy „ki az, aki hatékonyan terjeszt”. A harmadik a személyközi szint: itt a terjedést nominális és graduális paraméterek befolyásolják. Nominális paraméterekkel nemek, fajokra, vallásokra, foglalkozásokra bontható a népszerűség, e csoportok helyzetét az

egymással ellentétesség jellemzi. A graduális paraméterek (a jövedelem, a vagyon, a hatalom, az iskolai végzettség) már státusrangsorok alapján osztják fel a társadalmat. A jövedelem például olyan változó, ami a több és a kevesebb mellett a kedvező és kedvezőtlenebb, esetleg a veszélyes és veszélytelenebb kategóriájával is leírható. Minél nagyobbak a különbségek a graduális paraméterekben, annál nagyobb mértékben alakul át a terjedő tartalom: a graduális paraméterekben mérhető eltérés növeli a félreértések, félremagyarázások valószínűségét is. Az utolsó pedig a csoportközi szint: a társadalom egyes csoportjainak más és más típusú hiedelmek, tartalmak, tudások ideálisak. Emiatt, ha a terjedés átlép egy csoportot, megnő az esély az átalakulásra.

A transzformáció során az itt vázolt, héjszerűen szétbontható rétegekkel az alábbi folyamat megy végbe: a befogadó veszi a témát, lehántja róla az előző kommunikációs aktus során elhangzott „burkot”, vagyis az akkori közlő attitűdjét, véleményét, és ezt helyettesíti – a következő befogadóval fennálló viszony alapján – saját véleményével, az adott téma vagy tartalom magvához fűződő attitűdjeinek elemeivel, s így módon adja tovább.

A vázolt négylépcsős folyamatról függ, mennyire lesz bonyolult a transzformáció, mennyire lesznek eltérőek a variánsok a kommunikációban. A másképp mondja el B-nek mint C-nek, C pedig a neki tált variánst ugyancsak személyre szabva adja majd tovább D-nek és E-nek. Lelassul, majd megszűnik a terjedő tartalom átalakulása, ha a csoport mint normát vagy igazságot fogadja el a legelterjedtebb változatot.

Mindenki szeretné, hogy a lehető legtöbb embernek a lehető legjobb véleménye legyen róla – beleértve saját magát is. Évét rendszeresen monitorozzuk szűkebb és tágabb környezetünket. Az ember időközönként megnézi, „mi van a világban” – hogyan viselkednek a többiek. Ha másképp mint ő, akkor hajlandó megváltoztatni: társai viselkedésének a függvényében megváltoztatja, amit gondolt, tesz vagy mutat. Azonban nemcsak környezetét figyel meg, hanem „befelé is monitoroz”: felülvizsgálja korábbi tudását, elveit. Dön-

téseinek eredménye az emberi közösségek dinamikusan pulzáló gondolat- és normahálózata. Előítéleteink egy része rugalmas rendszereket alkot, ezek egymással is összefüggenek és képesek az alkalmazkodásra. Bámulatos azt a nyílt, a hallott történettel való viszonylagos azonosulás miatt meginduló önfeladási folyamatot megélni vagy végignézni, amikor valaki egy új információ hatása alatt egy bizonyos kérdés tekintetében meggyőződik az ellenkezőjéről annak, amit addig hitt, és a továbbiakban az új meggyőződés szerint alakítja önképét is környezete felé. Ilyen értelemben lelkiismeretünk és meggyőződésünk régebbi állapotai is a környezetünkhez tartoznak, ha úgy tetszik: belső szomszédaink.

A terjedésről beszélve az adott tartalmat, normát, divatot, szokást, hírt terjesztő közlő, illetve befogadó személyében, vagyis magában az emberben végbemenő változásokat is érdemes szemügyre venni. A terjedő tartalom ugyanis maga is módosítja a személyiség egyes részleteit – mégpedig úgy, hogy az alkalmasabbá váljon a terjesztésre. A másoló információ csak úgy tudja magát replikálni, ha bennünket is olyanná formál, hogy továbbadhassuk. A változás mozzanata ez, amikor a másoló információ módosítja az embert. Igazán fontos az ember belső átalakulása, a legcsekélyebb mértékű is, egy magasabb szinten integrált jelenség, mint a terjedő tartalom – mégoly bonyolult – variánsa. Az ismeretekben, véleményekben, előítéletekben bekövetkező legkisebb változás is, az embernek akár a legcsekélyebb mértékű belső átalakulása is, fontos esemény a közösségre nézve, mert minden ilyen változás során a meggyőződés egésze vagy egy része változik meg.

A kulturális evolúció naturalista elmélete járványtani hasonlaltal magyarázza a terjedést. *Dan Sperber* szerint agyunkat számos gondolat népesíti be, melyek közül néhányat kommunikálunk, és ennek hatására az adott gondolatnak mások elméjében különféle leszarmazottai keletkeznek, amelyek többé-kevésbé hasonlítanak az eredetire. *Sperber* elsősorban makro- és mikrorendszerek és folyamatok összekapcsolására törekszik, kiemelve, hogy a makrojelenségek (pl. a kulturális környezet) mindig elemi dolgokra vezethetők vissza, és azok összegződéseiként kell őket látnunk.

Sperber kétféle reprezentációt különböztet el: belsőt (mentális) és külsőt (nyilvános). Mentális reprezentációk nélkül nem léteznének a nyilvános reprezentációk, és a nyilvános reprezentációk hatnak a mentális reprezentációkra. A mentális reprezentációk (vágyképek, emlékek, vélekedések, preferenciák stb.) és a nyilvános reprezentációk (beszéd, viselkedés, tárgyak stb.) egyaránt materiális természetűek, elvégre mindkét csoport elemei az anyagilag létező idegrendszer működésének következményei. A

mentális reprezentációk bonyolult szövete minden elmében egyedi mintázatú rendszert alkot: e mintázatok az evolúciós meghatározottság és az egyéni élmények kölcsönhatásainak következményei. Jóval több mentális reprezentáció létezik az emberek fejében, mint ahányat megosztunk társainkkal, bizonyos értelemben nyilvánossá téve mozdulataink, viselkedésünk, beszédünk, írásaink, tárgyaink, képeink stb. által. A nyilvános reprezentációk voltaképpen versenyeznek a túlélésért, a maradandóságért a nyilvános térben. Azok terjednek jobban, vagyis több embert érintve, hosszabb ideig fennmaradva, amelyek valamilyen oknál fogva több ember számára válnak hasznossá. E folyamatot *Sperber* nem mutatja be egyértelműen, jóllehet épp ő szorgalmaz természettudományos megközelítést, melynek e ponton igen nagy hasznát vennénk. A kulturális terjedés tehát a reprezentációk folyamatos oda-visszaáramlását is jelenti a mentális és a nyilvános szférák között – egyféle hálózottságot létrehozva.

Mivel a terjedés legáltalánosabb formája az embertől emberig érő közvetlen kommunikációs aktus, ezért a közösségi háló kiterjedése, a kapcsolatok sokfélesége határozza meg a terjedést. Ami a szóbeliségen alapuló kultúrákban bonyolult, s emiatt szörványosabb volt: az írással, a nyomtatással, a digitális adatmásolással felgyorsult és kiterjedt ez a folyamat. Ha *Sperber* kulturális epidemiológiáját a kapcsolathálózat-kutatás módszertana felől értelmezzük, kimondhatjuk: háló nélkül semmi nem terjed – vagyis, nemcsak tovább kell adni, hanem be is kell szöni valahová, hogy értelmezhesük.

A téma másik nagy teoretikusa, *Michael Tomasello* szerint az ember kulturális világát alapvetően a társas cselekvésbe ágyazott megismerési folyamat teremti meg, valamint fejleszti és rögzíti. A kulturális és társadalmi átadást biológiai mechanizmusnak látja, ami az állatokra éppúgy jellemző, mint az emberre, ám szemben a lassú organikus evolúcióval, gyorsabb mechanizmus, „amely lehetővé teszi az egyes egyedek számára, hogy jelentős időt és erőfeszítést takarítsanak meg – a veszélyekről nem is beszélve – azáltal, hogy kihasználják fajtársaik már meglévő tudását és képességeit”. Az emberi kulturális átadás módjainak – az utánzásos, a tanítás segítségével való és az együttműködéses tanulás – vannak sajátos jellemzői is. Fajtársainkkal azonosulva, mások cselekedeteinek, figyelmének és gondolatainak egyaránt szándékot tulajdonítunk, s közben felfogjuk, hogy mások tapasztalatai, gondolatai és vélekedései a sajátjainktól eltérhetnek. A közösség felől nézve: több ember együttműködve, társas tanulási folyamatokból új tudásokat, eljárásokat és stratégiákat hoz létre és halmoz fel: ezt nevezi *Tomasello* kumulatív kulturális evolúciónak vagy lendkerékhatásnak. A tanulás terén azzal jár az

azonosulás a másik emberrel, hogy úgy végzünk egy új cselekvést, mint akitől eltanuljuk.

Míg tehát *Sperber* a reprezentációk mentális alapjait hangsúlyozza, addig *Tomasello* a viselkedési szintet, az evolúciós folyamatokat és az emberi megismerés társas meghatározottságát. *Sperber* mindent elemi egységekre, kognitív, illetve nyilvános reprezentációkra vezet vissza, *Tomasello* pedig a legalapvetőbb egységnek két ember társas cselekvését, interakcióját látja. Mindkét megközelítést figyelembe kell vennünk: hiszen egyaránt fontos, hogy *mi* terjed és *hogyan*.

De miért érdemes vizsgálni a terjedést és a terjedés tartalmának átalakulását? A terjedés kutatása a vizsgált közösségről és annak kultúrájáról tár fel rejtett és/vagy csak közvetetten hozzáférhető ismereteket. A terjedés színtere a közösség. A közvetlen mikrokörnyezet azonban egyre ritkábban képez szerves és biztonságos hálót az egyed körül, amikor nem csupán részfeladatok ellátása miatt ideiglenesen fennálló mikrocsoportosuláshoz tartozik az egyén, hanem az élet egészét felölölő közösséghez. A megfelelő mennyiségű tartalom hálójával teret ad ellentétes véleményáramlatoknak is: egy sűrű szövetű kommunikációs közegben kiegyenlítődnek a hibák, az elvétések. Az elfogadhatóság mércéje nem a referenciális igazság, hanem a közösség, a csoport elvárásainak, bizalmi szokásainak (kinek hiszünk, kinek nem) kérdése.

Az átalakulás az alábbi folyamatokkal jellemezhető:

- Kombináció: a közlő mentális archívumából az adott tartalomra, hiedelemre vonatkoztatható elemek egyéni vagy személyközi szintű összekapcsolása.
- Rekombináció: egy, a kombinált tartalom korábbi változatának részleges helyreállítása, az ismeretek kiegészítése vagy új összefüggésben való elhelyezkedése miatt.
- Projekció: a terjesztő nemcsak saját mentális archívumának vonatkozó tartalmaival módosítja azt, amit terjeszt, hanem saját személyiségének jegyeivel is, a klasszikus pszichológia kivétel-fogalmának értelmében.
- Redukció: három típusa különböztethető meg – az egyéni (az egyén a számára releváns elemeket kiemeli, az irrelevánsakat pedig elhagyja), a személyközi (amikor a közlő a viszony minősége mentén emel ki és hagy el elemeket), valamint a csatormaszintű (amikor a csatorna adottságai redukálják a tartalmat, pl.: telefon vagy email során a mimika hiánya).
- Polarizálódás: csoportközi szinten zajló folyamat, egyéni szinten nem értelmezhető. A terjedő tartalom magva köré rendeződnek az egymásnak ellentmondó álláspontok, vélemények, me-

lyek részleteikkel kiélezik az adott hírrel, hiedelemmel kapcsolatos közösségi állásfoglalást.

C. G. Jung a múlt század elején fogalmazta meg a hírképződés során megfigyelhető változások indítékait. Gondolattmentét *Hankiss Elemér* összefoglalásában idézzük: „...a hírképzés – legalábbis látszólag – személytelen folyamat, s e személytelenség alkalmat ad az embernek arra, hogy – többnyire öntudatlanul – belefoglalmazza, belevetítse a tovább adandó hírbe a maga félelmeit és vágyait, indulatait és reményeit. Az ember itt valami fontos dologról beszélhet másokkal úgy, hogy közben megőrzi az »úgy hallottam«, »úgy hírlik« inkognitóját, senki se ellenőrzi, senki se kéri számon, senki se tudja, többnyire még ő maga sem, hogy a hallottakat, amikor továbbadja őket, már észrevétlenül átaltították, átírták az ő félelmei, vágyai és indulatai... a híresztelés, a hírek továbbadása szolgál az egyébként elfojtott, a társadalmi normák által vagy az ember saját valóságérzete által tiltott érzelmek, vágyak, indulatok, félelmek kifejezésére, szimbolikus kiélésére, a tőlük való katartikus meg szabadulásra.”

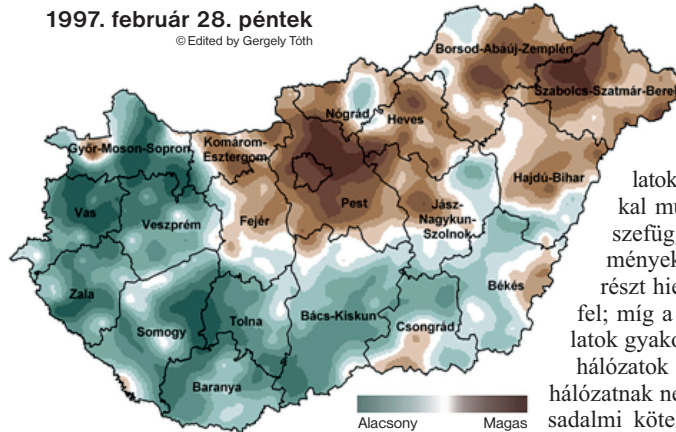
Ha a hálózaton keresztül áramlani kezd valami – egy jó vagy rossz hír, egy fertőző betegség –, akkor ez az egyének közötti közvetlen kapcsolatokon túl a hálózati kapcsolatok teljes rendszerét is kirajzolja. Információkra csak úgy tudunk szert tenni, ha az egész hálózatot egyidejűleg vizsgáljuk, nagytömegű információ feldolgozására viszont csak nemrég váltunk képessé. A hálózaton – szemben például egy könyvtárral – az információ szétosztva tárolódik, és a hálózati kommunikáció terjedésével csökken a média azon kultivációs szerepe, amely a társadalom és a közönség egészét egységesnek tekintette.

Am az ember nemcsak arra kíváncsi, mit gondol a másik ember, hanem arra is, hogy az emberek mit gondolnak. Nem mindegy, hogy az elmetevékenységeket mekkora csoportban hajtjuk végre. A fejből fejbe plántlódó gondolatok mindig a személyes kapcsolatok keretein belül mozognak. De vajon kitalálhatja-e egy hálózat, mit tervez a másik? Ennek megválaszolásához szükséges a hálózattudat fogalmának bemutatása.

A hálózatkutatók – elsősorban a statisztikus fizika művelői – a globalizálódás és a komputerizáció eredményeképpen korábban elképzelhetetlen mennyiségű elemzést tudnak vizsgálni. A hálózattudomány vizsgálódásának egyik tárgya a társadalmi kapcsolatrendszer szerkezete, a rendszer szabályszerűségei. A hálózati gondolkodás, mint általános elméleti keret modelleket szolgáltat. A modellek pedig támogatják a társadalomtudományi elemzéseket annak kutatásában, hogy a struktúra, illetőleg a társas tudás (László, 1999) ho-

1997. február 28. péntek

© Edited by Gergely Tóth



Az ábra az 1997-es Postabank-pánik kapcsán kialakuló terjedést, diffúziót mutatja

gyan hat a motívumokra, illetve az egymásra ható motívumok hogyan hatnak vissza a struktúrára.

Már az ókorban figyelemremélőan dokumentált kapcsolatok tömege állott rendelkezésre, de a hozzáférés összehasonlíthatatlanul nagyobb erőfeszítést jelentett, mint ma. Az egész – amely több, mint részeinek összessége – kutatásakor önmagát keresi a társadalom, s miközben feltárulkozik az egyes emberről, adott esetben a kapcsolatairól szóló részlet, ő is tudást nyer a rendszerről hálózati műveleteivel, amivel egyben a topológia generálásához is hozzájárul. A digitális adatok tömegéből a rendszer eddig ismeretlen vonásai merülnek fel, s már nem csak a kutatók érdeklődését kötik le. Mind könnyebben férünk hozzá tetszőleges helyről a másik tetszőleges helyen lévő rendszer struktúrájához. S bár szembe kell ugyan néznünk azzal, hogy egyik-másik kapcsolatrendszerünk „ki van terítve”, vagyis a világon bárholra hozzáférhető és elemezhető, ám viszonzásképpen a rendszer is felfedi magát számunkra. A hálózattudatból fakadó mintázatok és tartalmak elterjedése visszahat a rendszerre magára. A társadalom aktuális állapotáról egykoron csak jelenléttel lehetett bármilyen információt szerezni, az információszerezést az egyidejűség és egyetűség feltételei korlátozták. Ezzel szemben ma az információhoz való hozzájutás a korrekciót is gyorsítja, eddig ismeretlen feedback-csatornák nyílnak: a XXI. század elejétől egyre több példát látunk a hálózatok közötti terjedésre.

A társas hálózatok vizsgálatokor megkülönböztethetünk horizontális és vertikális hálózatosodási formákat. A vertikális hálózatok a társadalmi hierarchia, illetve kiépült intézményrendszerek struktúráját követik, amelyben egyértelmű alá-fölrendelt viszonyrendszer nyomán formálódnak a kapcsolatok, illetve áramlik az információ. A horizontális network esetében mellérendelt kapcsolatok sokaságáról beszélünk, ahol a

hierarchia, bár sok esetben jelen van, mégsem tipizálja a kapcsolatok minőségét.

A vertikális kapcsolatok a formális hálózatokkal mutatnak erősebb összefüggést, hiszen az intézmények, szervezetek nagyrészt hierarchikusan épülnek fel; míg a horizontális kapcsolatok gyakoribbak az informális hálózatok esetében. Informális hálózatnak nevezzük azokat a társadalmi kötelékeket, amelyekben a rendszeres személyközi kommu-

nikációt nem határozza meg intézményi hierarchia jelentette kultúra. Ettől még a társadalmi hierarchia persze érvényesülhet, hiszen a társadalomban minden egyénnek megvan a maga státusza, amely viselkedését és kapcsolatainak minőségét is determinálja. A hálózatok alapvető tulajdonsága az egymásba ágyazottság: egyetlen hálózat önmagában nehezen értelmezhető, hiszen önmaga is részhalózatokból épül fel. Mesterséges hálózat a legritkább esetekben lehet életképes a természetes hálózatokkal való szoros együttműködés nélkül. Az önszerveződő közösségi terjedés célja a társas hálózat tartalmainak fenntartása, másolódása, a terjedés, a replikálódás, ezzel pedig a közösségi háló stabilitásához való hozzájárulás: az út maga a cél.

A bemutatott kutatást az OTKA K112929, 7303 számú pályázata támogatta.

Irodalom

- Barabási, A.-L. és Albert R. (1999): Emergence of scaling in random networks. *Science* 286 (5439): 509–512.
- Barabási A.-L. (2003): Behálózva. Magyar Könyvklub, Budapest.
- Bozsonyi Károly, Kmetty Zoltán, Tóth Gergely, Szvetelszky Zsuzsa, Bálint Lajos, Csepeli György, Pozsonyi Gábor, Orosz Györgyi: Szociológiai szimulációs modellek egy pénzügyi pánik magyarázatában. Magyar Szociológiai Társaság éves konferenciája; 2011, Miskolc.
- Christakis, N. A., Fowler, J.H. (2010): Kapcsolatok hálójában. Typotex.
- Csányi V. (1999): Az emberi természet. Vince Kiadó, Budapest.
- Csermely P. (2005): A rejtett hálózatok ereje. Vince Kiadó, Budapest.
- Hankiss E. (1983). Társadalmi csapdák. Diagnózisok. Harmadik kiadás, Magvető, Budapest.
- László J. (1999): Társas tudás, elbeszélés, identitás. A társas tudás modern szociálpszichológiai elméletei. Scientia Humana–Kairosz, Budapest.
- Malarz, K., Szvetelszky Zs., Székfi B., Kulakowski, K. (2006): Gossip in Random Networks. *Acta Physica Polonica. B.* 37(11), 3049.
- Mérei F. (2001): Közösségek rejtett hálózata. Osiris, Budapest.
- Pléh Cs. (2000). A gondolatok terjedési mechanizmusai: mémek vagy fertőzések. Replika 40.
- Sperber, D. (2001). A kultúra magyarázata. Osiris, Budapest.
- Szvetelszky Zs. (2002): A pletyka. Budapest, Gondolat Kiadói Kör.
- Szvetelszky Zs. (2006): A társas mezőktől a hálózattudatig. Magyar Tudomány, 11.
- Tomasello, M. (2002). Gondolkodás és kultúra. Osiris Kiadó, Budapest.

Hálózattudomány személyes nézőpontból

Manapság, amikor minden évben tucatnyi vagy annál is több konferencia, műhelymegbeszélés vagy fiatal kutatók számára szervezett iskola témája a hálózatkutatás, és már száznál több könyvet, illetve három folyóiratot szentelnek e témának, továbbá a legtöbb egyetemen hálózatkutatói kurzust is tartanak, három kontinensen még PhD-fokozat is szerezhető e kutatási témában, amikor a kutatásokat finanszírozó ügynökségek százmillió dollárokat ítélnék meg ennek a témának a vizsgálatára, itt az ideje, hogy áttekintsük az évtizedes kutatási terület fejlődését, a sikerhez vezető egyenes útját. Anélkül, hogy elvakítana a téma sikerének ragyogása, tegyük fel nyugodtan azt az érdekes kérdést, hogy miként tudott ilyen gyorsan fejlődni ez a kutatási terület.

Ebben az írásban bevallottan *elfogult leszek* a kérdésre adott válaszbán: a hálózatkutatás kialakulását egy olyan résztvevő – történetesen saját magam – szemszögéből tekintem át, akinek a történetét legjobban ismerem. Nincs szó diadalmenetről, célom a visszaemlékezés a kanyargós és göröngyös útra, amelyen számos emelkedőt és lejtőt is bejártam. Madártávlatú perspektíva helyett azokra a felejthetetlen fákra összpontosítok, amelyekkel minduntalan szembetalálkoztam, amikor megpróbáltam áthatolni az erdőn. Emlékeztetőként szánom ezt arra vonatkozóan, hogy a tudományos felfedezés nem annyira sima ügy, amennyire a kézikönyvek alkalmasint sejtetni engedik.

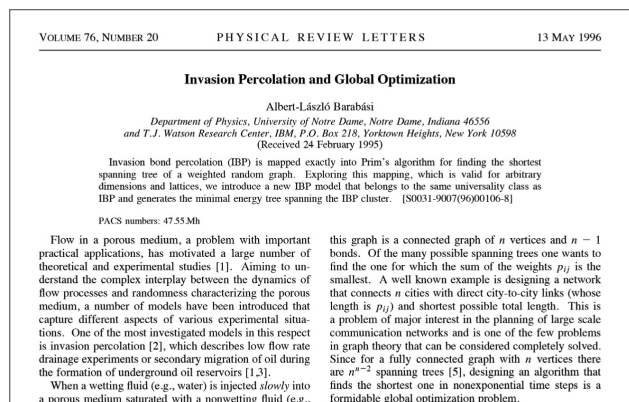
Első cikkem a hálózatokról (1994)

A hálózatok csábításába 1994 decemberében kerültem az IBM T. J. Watson Kutatóközpontjában rövid néhány hónapig betöltött posztdoktori állásom során. Mivel a közelgő ünnepek miatt biztossra lehetett venni, hogy a Watsonban egy időre megszűnik az

élet, elhatároztam, hogy a szünetet munkaadóm kissé alaposabb megismerésére fordítom. Akkoriban az IBM a számítógép szinonimájának számított, úgyhogy a Watson könyvtárába betérve számítógép-tudományi bevezetőt kerestem.

A szakterület szellemi kihívásait jócskán felvonultató, rengeteg témát tárgyaló könyvvel távoztam. Volt szó benne a Boole-féle logikáról és az NP-teljességről is. Az én figyelmemet viszont a minimális kifeszítő fa problémáját tárgyaló fejezet keltette fel. Jó okom volt erre: rájöttem, hogy a könyvben ismertetett Kruskal-féle algoritmus a statisztikus fizika perkolációs modelljével társítható. Így karácsony után éppen két hónappal, 1995. február 24-én be is küldtem a hálózatokkal foglalkozó első kéziratomat a *Physical Review Letters* folyóirat szerkesztőségébe. A cikkben megmutatom, hogy a hálózatok fizikájában és a számítástudományban sokat vizsgált probléma egymással ekvivalens [1] (**1. ábra**). Bár a tekintélyes fizikai folyóiratban megjelent egyszerű cikk csekély előrelépést jelentett a pályámon, az igazi hatása hosszú távon jelentős volt: egy rejtett szellemi gátat áttörve évtizedekre megalapozta a hálózatokhoz fűződő meghitt viszonyomat.

1. ábra. 1994–1995: Első lépésem a hálózatok útján. Az 1994. év végi karácsonyi szünetben fogant első hálózatos cikkem [1] a minimális kifeszítő fa problémáját térképezte fel



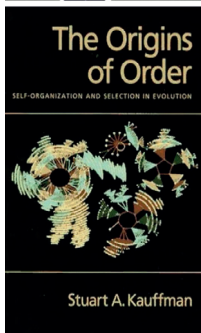
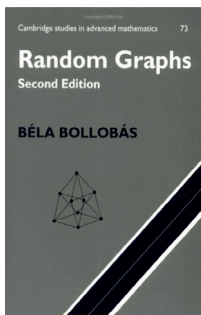
Részlet Barabási Albert-László megjelenés alatt álló új angol nyelvű könyvéből. Köszönjük a szerző hozzájárulását a közléshez. A könyv magyar nyelvű kiadása, a Libri gondozásában, 2016-ra várható.

Első kudarc: második cikkem (1995)

Minél inkább belemélyedtem, annál jobban nyugtalanított, hogy milyen keveset tudunk a valódi hálózatokról. New York városában élve elképzeltem a sok millió elektromos, telefon- és internetkábel dzsungelének bonyolultságát. A gráfelmélet alapján ezek a kábelek véletlenszerű hálózatot alkotnak. Ennek nincs sok értelme így. Kell léteznie valamilyen rendezőelvnek, amely ezt a sok hálózatot irányítja. Mivel ezekről a hálózatokról nagyon is függünk, a rendezőelv megtalálása megfelelő kihívás volt egy olyan kutató számára, aki statisztikus fizikával, különösen a rend és a rendezetlenség határmezsgyéjével foglalkozik.

A következő hónapokat ezért Bollobás Béla véletlen gráfokról szóló kiváló könyvének [2] szenteltem, amelyből Erdős Pál és Rényi Alfréd klasszikus munkáját [3] is megismerhettem. Ezzel egyidejűleg Stuart Kauffman jövőbe látó műve [4] a biológiai hálózatok fontosságát is nyilvánvalóvá tette számomra. Két nagyon eltérő nézőpont ütközött ezekben a könyvekben: a matematika szabályok vezérelte száraz világa és Stu csapongó képzelete, amelynek nem szabott határt semmiféle matematika (**2. ábra**).

Nyolc hónapja voltam a posztdoktori állásban, amikor elfogadtam a University of Notre Dame állásajánlatát, és ez lehetővé tette, hogy az IBM-nél hátralevő négy hónapot a hálózatokról



2. ábra. 1995: Rendezettség vagy véletlen? A hálózattudomány felé terelő három könyvből itt kettőnek a címlapja szerepel

szóló második tanulmányom elkészítésére fordítsam. A *Véletlenszerű hálózatok dinamikája: összekapcsolhatóság és elsőrendű fázisátmenetek* című munkám [5] az első kísérletem volt annak vizsgálatára, hogy milyen következményekkel jár egy hálózat topológiájának megváltozása. A kézirat Bollobás és Kaufmann világát egyesítve azt boncolgatja, hogy a hálózat szerkezetének változásai miként befolyásolják a Boole-féle rendszer dinamikáját (3. ábra). A megfigyelt tünet egyszerű: véletlenszerű hálózat fokszámának változásakor a Boole-féle rendszer dinamikus fázisátmeneten megy keresztül. Emiatt a rendszer viselkedése nem írható le, ha nem tudunk pontosan számot adni az azt alkotó hálózat szerkezetéről.

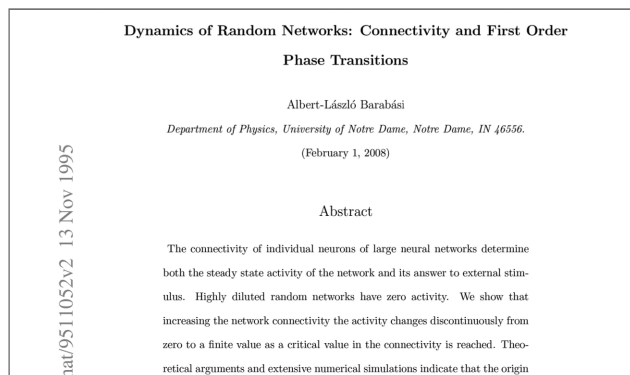
A kéziratot különféle hálózatok motiválták, így a sejt-hálózatok, az internet és a világháló. Ezek a témák nemigen szerepeltek azokban a fizikai folyóiratokban, amelyekben általában közzétettem a munkám eredményeit. Emiatt igyekeztem valamiféle nyilvánvaló fizikai alkalmazást találni. Végül az ideghálózatra vonatkoztatva mutattam be az eredményeket, mivel a fizikusok között ez gyakran előforduló kutatási téma. Úgy gondoltam, hogy a fizikusközösség pozitívan áll a hálózatok vizsgálatához. Tévedtem, és ezzel kezdetét vette a hálózatok kutatásában megélt kudarcaim négy éven át folytatódó sorozata.

A kész kéziratot 1995. november 10-én beküldtem a *Science* folyóirat szerkesztőségébe, és visszautaztam Bostonba az Anyagtudományi Társaság éves közgyűlésére. Philipp Ball, a *Nature* folyóirat interdiszciplináris témák iránt érdeklődő szerkesztője ugyancsak részt vett a közgyűlésen, és időt szakított arra, hogy meghallgassa a tájékoztatómat az általam élvezettel művelt új témáról, a hálózatkutatásról. Így aztán, amikor néhány héttel később a *Science* bírálóhoz küldés nélkül elutasította a kéziratot, Philippnek küldtem azt abban a reményben, hogy a *Nature* nagyobb figyelmet fordít rá. Pontosan így történt – a kéziratot kiküldték bírálatra.

A bírálók azonban nemigen voltak elragadtatva. Egyikük kérés nélkül így írt a véleményében:

1. Rossz az indoklás;
2. Szakmai szempontból nagyon erőltetett;

3. ábra. 1995–1997: A soha nem közölt cikkem a hálózatokról. A kéziratot az arXiv preprintszerverre töltöttem fel 1995 novemberében, mivel négy folyóirat sem volt hajlandó közölni. Akkor feladtam, hogy más folyóiratokkal is próbálkozzam



3. Az elméleti feltevések (a fejlődésről és az internetről) a gyakorlatban nem valósulnak meg.

A bírálónak persze igaza volt: elmulasztottam megindokolni, hogy egyáltalán miért érdemes hálózatokkal foglalkozni. A fejében pedig megvolt. De alig egy évvel a PhD-fokozat megszerzése után az akkori angolnyelv-ismeretemmel – amit négy év alatt szedtem fel – a fejében levő gondolatokat még képtelen voltam ütőképes magyarázattá formálni angolul.

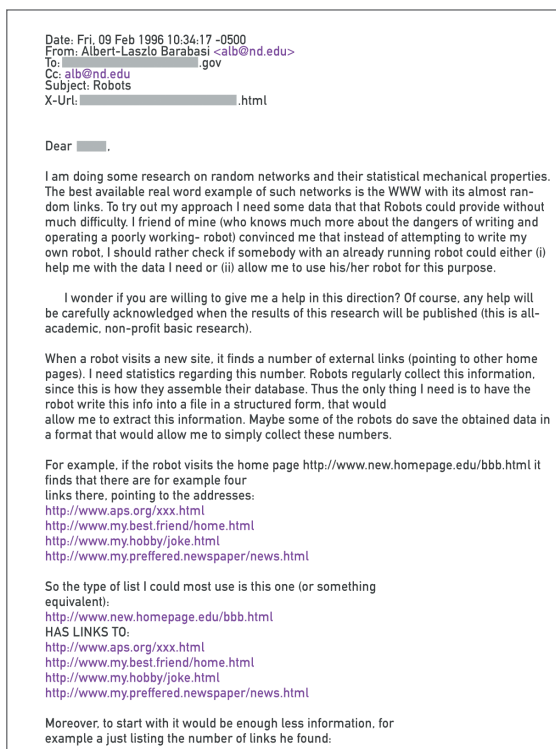
Csalódottan bár, de a kéziratot ismét benyújtottam, ezúttal a *Physical Review Letters* folyóiratnak 1996. április 25-én. Ezzel sem jártam sokkal jobban, visszautasították, méghozzá egy hosszú bírálat kíséretében. Amikor az első publikálási kísérlet után két évvel, 1997. november 21-én újra próbálkoztam a közléssel, az *Europhysics Letters* részére beküldve, már túl voltam a hálózatok világában tett utazásom első, ám kettős kudarcán.

Második kudarc: a világháló feltérképezése (1996)

Miközben azon küzdöttem, hogy végre közöljék a hálózatokról írt második cikkemet, egyre inkább meggyőződtem arról, hogy a továbblépéshez nem a gráfelméleti megközelítés vezet, amellyel addig próbálkoztam. Ehelyett inkább azt kell tennem, amiben a fizikusok jók: a valódi világból kell ihletet meríteni. Úgy döntöttem, hogy térképekre van szükségem. Pontosabban fogalmazva, valódi hálózatok térképeire.

Öt évvel azután, hogy Tim Berners-Lee hozzáférhetővé tette a WWW-t működtető kódot, és két évvel a Google létrehozása előtt, a világháló már zsongott. Keresőmotorok különleges kollekciója (a JumpStation, az RBSE Spider vagy a Webcrawler nevű) köhögött a kutatóhelyeken a kapcsolati struktúrák feltérképezésével próbálkozva. 1996 februárjában e-mailt küldtem az ilyen keresőrobotokat futtató néhány kutatónak (4. ábra). Reméltem, hogy

4. ábra. 1996: Könyörgés adatokért. Ilyen e-mailt küldtem számítógép-tudománnyal foglalkozó szakembereknek, hogy a világháló topológiáját tudjam vizsgálni. Utólag érezhető, hogy nem igazán meggyőző a szövege. Nem csoda, hogy senki nem válaszolt. Három évet kellett még várni, amikor a hozzánk csatlakozó Hawoong megalkotta azt a keresőrobotot, amellyel a szerzett adatok alapján felfedeztük a skálafüggetlen hálózatokat. Ha már 1996-ban kaptunk volna adatokat, a felfedezést három évvel hamarabb megtesszük



adatokat kapok tőlük. Az ideális egy teljes térkép lett volna. Annak hiányában már beértem volna azzal, hogy megtudjam, hány kapcsolat indul ki az egyes csomópontokból. Úgy fogalmaztam: „a korábban kapott adataiból egyszerű hisztogramot kívánok készíteni”, olyasvalamit kérve, amit röpké három évvel később a világháló foksámeloszlásának nevezünk el.

Nem utasított vissza senki. Ám válaszra sem méltatott egyikük sem. És amíg arra vártam, hogy valaki legalább válaszol, a második hálózatos cikkem is megkapta a kegyelemdőfést: az *Europhysics Letters* sem tartotta közölhetőnek.

Ennél a pontnál teljesen csaldótam a hálózatok felé vezető útbán. A második kéziratomban négy folyóirat szerkesztőségét járta meg, háromnál még a bírálati kört is megtéve. Senki nem állította azt, hogy a cikk rossz. A bírálók véleményének üzenete egyszerűen annyi volt: és kit érdekel ez? Ekkor már lassan zsákutcába jutott a B-tervem is a valódi adatokra épülő kutatásról. Csalódásomban, a publikációs kényszer nyomása alatt és a kutatást elősegítő pályázati támogatás szerzése érdekében, a hálózatokat fokozatosan lecseréltem egy biztonságosabb kutatási irányra, a kvantumpöttyökre.

Nemigen volt választásom. A két éves docensi időszakomra kapott kutatási támogatás elapadóban volt, arra meg alig volt esélyem, hogy állandó állásra kinevezzenek. Noha hittem a hálózatokban, a megelőző három évben mindössze egyetlen cikket tudtam felmutatni a kudarcosorozaton kívül. Az áttérés egy hagyományosabb témára viszont kifizetődőnek bizonyult: 1997 végéig két kutatási pályázaton is sikerült támogatást szereznem, ami lehetővé tette néhány hallgató és posztdoktori kutató alkalmazását.

Újrakezdés (1998)

1997-ben Chicagóban laktam, onnan ingáztam másnaponként a Notre Dame Egyetemre. A kétórás autózton vezetés közben unaloműzőként könyveket kezdtem hallgatni magnóról. Egy alkalommal Asimov *Alapítvány* c. hangoskönyvét vettem ki a könyvtárból (5. ábra). Gyerekkoromban olvasva faltam ezt a könyvet. Amikor a trilógia második részében a Második Alapítvány mágikus világába pottyantam, megfogott Harry Sheldon azon képessége, hogy képes évszázadokra előre megjósolni az emberiség sorsát. Ez a sci-fi legjobbika: elragadó, elérhetetlen, de valamilyen absztrakt világban mégis nyilvánvaló.

A Notre Dame-ot Chicagóval összekötő 90 km-es autótú mellett egybefüggő kukoricatáblák között vezetve ábrándos elmélkedésbe kezdtem: mi lenne, ha Asimov látomása valóra válna? Tényleg fel lehet írni olyan egyenletrendszert, amelyet megoldva

megjósolható egy olyan bonyolult egyenletrendszer jövője, mint a társadalomé? Tudok-e valamit tenni, hogy ilyesmit elérjek? A kvantumpöttyökre vonatkozó kutatásaim sikere közepette Asimov egyre csak a hálózatok és a komplex rendszerek kérdései felé vont a figyelmemet a korábban elszenvedett kudarcaim ellenére.

1998 elejére felkészültem az újbóli próbálkozásra. Új kutatási projekt körvonalait dolgoztam ki, és márciusban ebédre invitáltam Albert Rékát a Notre Dame legelegánsabb éttermébe, a *Sorinsba*. Réka, akinek már csak egyetlen fél-

éve volt hátra a diploma megszerzéséig, az egekbe vezető karrier elé nézett. A szemcsés anyagból álló rendszerekről szóló cikkét a *Nature* a címlapján hirdette, és az akkoriban végzett kutatásainak előzetes eredményei is ígéretesek voltak. Ezért az ebéd sikere érdekében minden bölcsességetem latba kellett vetnem, ugyanis arról akartam meggyőzni őt, hogy addigi sikeres kutatásait félbehagyva váltson át a hálózatok kutatására.

Legjobb tanítványomat igyekeztem tehát meggyőzni arról, hogy csatlakozzon a hálózatkutatói keresztes hadjáratomhoz, de vajmi kevés biztató tényezőt tudtam felsorakoztatni. Sőt meg kellett mondanom, hogy a témáról szóló második cikkemet négy folyóirat is visszautasította, így az publikálatlan maradt [5]. A hálózatkutatásnak nincs szakmai közössége, sem folyóirata, sem támogatása. Öszintének kellett lennem, bevallva neki, hogy a téma látszólag senkit sem érdekel. Így a saját sikertörténetének azonnali végére számíthat, ha mellém szegődik.

Azt is mondtam, hogy a siker érdekében kockáztatnunk kell. És hogy szerintem a hálózatok megérdemlik a hazardírozást.

Az ebéd befejeztével egy sűrűn gépelt dokumentumot adtam át Rékának, a hálózattudományra vonatkozó korai koncepciómat. Becslésem szerint fél év alatt számszerűsíthetjük a hálózat topológiáját, és újabb hat hónapig tart, amíg megértjük a topológia hatását a hálózat dinamikájára. Ezután térhetünk rá a valódi kérdés, a hálózat topológiája és dinamikája együttes fejlődésének vizsgálatára.

Természetesen alaposan melléfogtam: fogalmam se volt arról, hogy milyen fantasztikusan gazdag a hálózatok topológiája. De visszatekintve, ez lényegtelen. A fontos az, hogy Réka a maga nyugodt és kellemes modorával beleegyezett, hogy csatlakozik a kockázatos hálózat-kalandhoz.

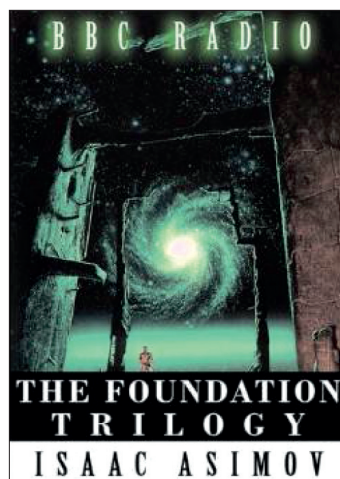
Harmadik kudarc: kisvilágok (1998)

Még most is zavarba ejtőnek találom, hogy mennyire széttagoltan működtek azok, akik 1999 előtt a hálózatokon gondolkodtak. Egyrészt létezett a társadalmon belüli hálózatokkal foglalkozó kicsi, de aktív közösség, amelynek a gyökerei az 1940-es évekig nyúlnak vissza. Amit manapság a kisvilágok problémájáról tudunk, annak nagy része valójában egy 1960 körül írt, kevésbé ismert cikkben már benne van. Bár Ithiel de Sola Pool társadalomkutató és Manfred Kochen matematikus munkája 1978-ig publikálatlan maradt [6], a szerzők a kéziratot preprint formájában széles körben terjesztették a szociális hálózatokkal foglalkozók között. Milgran 1967-es kisvilág-kísérletét [7] is ez inspirálta. És Milgramnak ez a munkája ihlette negyedszázaddal később John Guare drámaíró, hogy színdarabjának címéül *A különválás hat fokozata* kifejezést válassza (ez mai szóhasználatban a *hat kézfogásnyi távolságnak* felel meg – a fordító megjegyzése).

Bár Pool és Kochen ugyanolyan modellekre épített, amelyeket a gráfelmélettel foglalkozó Erdős és Rényi is éppen az idő tájt vizsgált, a társadalomkutatók tanulmányaiban legcsekélyebb jele sem volt annak, hogy tisztában lennének a véletlen gráfok egyre bővülő irodalmának létezéséről a matematikában. Erdős és Rényi úttörő munkássága pedig a véletlen gráfok irodalmának gyors növekedéséhez vezetett. Ugyanakkor a gráfelmélettel foglalkozóknak sem volt tudomásuk a szociális hálózatok kutatóinak közösségéről, így munkáikban nem is hivatkoztak a kisvilágokra.

A szakterületek közötti szakadék a két közösség által feltett kérdésekben is megnyilvánult: a gráfelmélet kutatóit a fázisátmenetek, algráfok és óriás komponensek foglalkoztatták, míg a szociológusokat a kisvilágok, a gyenge kapcsolatok és közösségek hozták lázba. Amíg a társadalomkutatóknak egy száz csomópontú hálózat felfoghatatlan volt, a matematikusokat az izgatta igazán, ha a csomópontok száma a végtelenhez tart.

Amikor a *Nature* közölte Watts és Strogatz cikkét a kisvilágokról [8], először a három évvel korábbi emlékeim jöttek elő a má-



5. ábra. 1997: Újrakezdés. Isaac Asimov sci-fi trilógiája sugallta a visszatérésemet a hálózatokhoz

sodik hálózatos tanulmányom publikálásának sikertelenségéről ugyanebben a lapban. Az ő cikküket olvasva fájdalmasan nyilvánvaló lett kudarcom oka: a probléma csapnivaló tálalása. Mindkét tanulmány a véletlen hálózat paradigmáját használta. Én a fizikusok számára érdekes kérdéseket vettem fel, de a közleményt az idegtudománnyal foglalkozóknak szövegeztem. Ezzel szemben a Duncan és Steve által felvetett kérdések mélyen a szociológiában gyökereztek, és hat fokozattal jobban szövegezték meg a mondanivalójukat.

Ugyanakkor a kisvilág-modell zsákutcának bizonyult a Réka és én általam akkoriban vizsgált kérdések szempontjából. Fizikusok lévén bennünket olyan mintázatok érdekelték, amelyek *nem* véletlen módon állnak elő. Ezért olyan jelenségeket kerestünk, amelyek túlmutatnak a szabályos hálókön, a szilárdtest-fizika által vizsgált lerágott csontokon, és a véletlen hálózatok Erdős–Rényi-féle modelljén is. A Watts–Strogatz-modell a szabályos és a véletlen hálózat közötti interpoláció, pontosan azé a két határé, amelyeket mi el akarunk kerülni. Ezért félretettük a cikket, és csak szórakozásból, a saját magunk számára kitűzött nézőpontból tekintve olvastuk. Hónapokkal később vettem csak újra elő, amikor a kisvilág szempontjai váratlan segítséget jelentettek a mi utunkon.

A világháló feltérképezése (1998)

Amikor 1998-ban Hawoong Jeong posztdoktori kutatóként csatlakozott a csoportomhoz, Réka és én már a fejünk búbjáig a hálózatokba merültünk. A tekintélyes Szöuli Nemzeti Egyetemen, Koreában végzett Hawoong elképesztően jártas volt a számítógépek világában. Egy alkalommal 1998 őszén valamelyik este betopantam az irodájába, hogy megtudjam, hogyan halad a munkájával. Akkor még a kvantumpöttyökkel kapcsolatban végzett kutatásokat, de a beszélgetés a hálózatokra terelődött. Így azt is elmeséltem neki, hogy milyen balul jártam, amikor a világháló topológiájával kapcsolatban próbálkoztam valódi adatokhoz jutni. Megkérdeztem, hogy tudja-e, hogyan kell keresőrobotot előállítani. Soha nem készített még eddig – hangzott Hawoong válasza –, de hajlandó megpróbálni. Nemcsak megpróbálta, de sikerült is neki. Hawoong robotja serényen kémlelte a webet, újjáélesztve balsikerű B-tervetemet a világháló szerkezetének feltárására.

Elhatároztuk, hogy a Hawoong által gyűjtött adatokkal folytatjuk az 1996-ban megszakadt vizsgálatot a világháló kapcsolati fokozatainak eloszlásáról. Az az egyszerű kérdés érdekelt bennünket, hogy a világháló elérte-e a perkolációs küszöböt (és ekkor a rendszer összefüggővé válik – *a fordító megjegyzése*). Erdős és Rényi azt állította, hogy egy kritikus kapcsolati sűrűség alatt a hálózatok sok elszigetelt halmazra bomlanak. Ha viszont a sűrűség eléri egy kritikus küszöbértéket, egyetlen hálózatként észlelhető óriás komponens alakul ki.

Vajon a világháló jelenleg még egymással nem összefüggő komponensekre tagolódik? Vagy, amit mindenki hisz, már egyetlen hatalmas hálózat? Érdekes kérdések attól függetlenül, hogy mi a válasz rájuk. A válaszhoz viszont szükség volt a web fokszámoszlására, ám ezt Hawoong robotja elárulta nekünk. Az adatok igazi meglepetéssel szolgáltak – és ez csak az első meglepetés volt: nem látszott a véletlen hálózatok elmélete által jósolt Poisson-eloszlás. Hatványfüggvény alakú eloszlás rajzolódott ki helyette.

A Hawoong adatai alapján kapott eredmény szöges ellentéte volt annak, amit négy év alatt a hálózatokról megtudtam. A szakirodalomban nyoma sem volt hatványfüggvény fokszámoszlású hálózatnak. Valójában eddig a kutya sem törődött a fokszámok eloszlásával, mind a véletlen gráfok, mind a szociális hálózatok irodalma kész ténynek vette a Poisson-eloszlást. Az általunk észlelt hatványfüggvény arra utalt, hogy a weben góccok, csomópontok vannak, amelyekből nagyszámú kapcsolat indul ki – az ilye-

nek pedig nem férnek össze a véletlenek világával. Az akkor létező modellek nem tudtak számot adni erről.

Egy fennmaradt e-mail szerint, amelyet Hawoongnak küldtem, a hálózatokról szóló harmadik cikkemet 1999. március 30-án, éppen a 32. születésnapomon kezdtem írni. Csábított, hogy egy valódi felfedezésre összpontosítsak, arra az egyszerű eredményre, hogy a világháló új típusú hálózat, a szervezethez korábban ismeretlen formája. Úgy éreztem azonban, hogy ez így rossz. Addigra már meg voltam győződve arról, hogy a második hálózatos cikkem kudarcát nem a benne foglalt tudomány okozta, hanem a szerkezete és szövegezése. Tudományos értékét tekintve az új eredmény túl száraznak tűnt ahhoz, hogy felcsigázza a



6. ábra. 1999: A 19-es fokszámu csapat. A világháló topológiájáról írt cikkünk megjelenése után készített fényképen, amely a *Business 2.0* magazinban jelent meg, Albert Réka és Hawoong Jeong társaságában szerepelek

Nature szerkesztőit. Úgy döntöttem ezért, hogy a trójai faló cseléhez folyamodom: a felfedezést a hatos fokszámu mögé rejtettem. A cikk címéül ezt választottuk: *A World Wide Web átmérője*, és kiesztük, hogy a 6 valójában 19 a világháló esetében, és így küldtük a *Nature* szerkesztőségébe (6. ábra) [9].

A felfedezés (1999)

Röviddel a kézirat beküldése után két hétre Spanyolországba és Portugáliába utaztam, az út utolsó állomása pedig egy konferencia volt a portói egyetemen. Miközben az Ibériai-félszigeten vezettem az autót, nem hagytam nyugodni az a kérdés, hogy miért éppen góccok és miért éppen hatványfüggvény.

Ha meg akarjuk érteni, hogy mitől ennyire különleges a világháló, előbb más hálózatokról kell többet megtudnunk. Ezért mielőtt Európába indultam, gyorsan belevetettem magam további hálózatok térképeinek keresésébe. Az első térképet Jay Brockmantól, a Notre Dame számítógép-tudományi professzorától kaptam egy IBM gyártmányú számítógépphiz huzalozásáról. Duncan Watts energiahálózati térképet küldött nekünk, Brett Tjaden pedig a hollywoodi színészek adatbázisát osztotta meg velünk. Az egészet Rékánál hagytam, hogy elemezze, amíg én úton leszek.

Már Portóban voltam, amikor 1999. június 14-én Réka üzenetet küldött az addig végzett munkájáról. Az e-mail végére mintegy utóiratként egy mondatot biggyesztett: „Megnéztem a konnektivitási eloszlást is, és majdnem mindegyik rendszernél (IBM,

színészek, energiahálózat) az eloszlás szárnya hatványfüggvényt követ.”

Réka megjegyzése villámcsapásként ért. Attól kezdve nem tudtam a konferenciára figyelni. Gondolataim a következtetések körül forogtak. Ha az annyira eltérő hálózatokat, mint a web és Hollywood ugyanúgy a hatványfüggvény alakú foksámeloszlás jellemzi, akkor a világháló általunk nemrég kimutatott tulajdonsága univerzális! Valamiféle általános törvénynek vagy mechanizmusnak kell felelnie ezért. És ha az olyan eltérő rendszerekre is érvényes, mint a színészek, a számítógépcip vagy a web, akkor a magyarázatnak alapvetőnek és egyszerűnek kell lennie.

A gondolkodáshoz nyugodt helyre volt szükségem. Otthagytam az üléstermet, és visszavonultam a *Casa Diocesana*-ba, ez a papnvelde volt a szállásunk a konferencia idején.

Még oda se értem, amikor a negyedórás séta közben eszembe jutott a magyarázat. A szobámba érve izgatottan elvégeztem néhány számítást, hogy matematikai formába öntsem az ötletet, és küldtem egy faxot Rékának, arra kérve őt, hogy néhány numerikus szimulációval igazolja gyors kalkulációimat (7. ábra).

To: ~~ALBERT~~ REKA ALBERT
from A.L. Barabási

Réka: Próbáld meg beprogramozni a következő új modellt; ami esetleg megadja a várakozás-vegt.

MODEL 1: $t=0$: (M) vertices, (E) edges.
at time t : always add a new vertex, which has m edges (non-directed) coming out of it. The ends of the edges will be randomly connected to the existing vertices in the system.
Thus: $t=1$: we have $(M+1)$ vertices, and $(E+m)$ edges, coming out of the new vertex.
 $t=2$: $(M+2)$ vertices; $(E+2m)$ edges
 $t=3$: $(M+3)$ vertices; $(E+3m)$ edges
Thus a new vertex always has m edges whose ends are connected randomly to the already present vertices in the system.
The average connectivity after time t : $\langle E \rangle = \frac{E}{t} = \frac{E}{t} = \frac{E}{t}$
Determine $P(k)$ at different times $t_1, t_2, \dots, t_n$ (where t_n can be large), and see if it is independent of t or power-law!

MODEL 2: when you add a new vertex with m edges, you do not connect m edges but, probability $1/t$ to the existing vertices. If: probability that the end will be connected to vertex i with k_i edges is $P_i \propto \frac{k_i}{\sum k_i}$ (preferential attachment).
This model will create clustering: the more connected vertices will grow faster than those less connected, hopefully giving a power law scaling.
After again determine $P(k)$ after time $t_1, t_2, \dots$
Kérek: Fordítsd el a skálázást a skálázás-fő témára: 351.26082622 , melyek közötti nagy miniatűrűk (a skálázás-méretre vonatkozóan).

P.S. I hope you are interested in Model 2, preferential attachment. $P(k) \propto k^{-\gamma}$, $\gamma = 2$ for $m=1$.
I will be happy to see a sketch of the model: $\frac{d\langle k \rangle}{dt} = m$, $\frac{d\langle k^2 \rangle}{dt} = 2m$.
I will be happy to see a sketch of the model: $\frac{d\langle k \rangle}{dt} = m$, $\frac{d\langle k^2 \rangle}{dt} = 2m$.
(I hope you are interested in Model 2, preferential attachment.)

7. ábra. 1999: Fax a skálafüggetlenségről. Az Albert Rékának 1999. június 14-én a portugáliai Portóból küldött faxon keveredik a magyar és az angol szöveg. A fax a skálafüggetlen hálózatok ma Barabási–Albert-modellnek nevezett algoritmusát írja le

Néhány óra múlva e-mail-en meg is jött a válasza. Meglepetésemre az ötlet bevált. Az egyszerű modellnek két összetevője volt: a növekedés és az előnyben részesített kapcsolódás meg tudta magyarázni a webnél és Hollywoodnál egyaránt tapasztalt hatványfüggvényt.

Roham (1999)

Portugáliából visszatérve mindössze egyetlen hetet töltöttem a Notre Dame-on az egy hónapig tartó erdélyi nyaralásom előtt. De az egy hónap alatt még leülni se tudtam, hogy a felfedezéssel foglalkozzam. A kézirat elkészítéséhez még két nap Portugália és egy hét Amerika kellett volna.

Pedig rögtön írni kezdtem volna. Barátnőm azonban emlékeztetett arra az ígéretemre, hogy az út utolsó két napján sem kezdek dolgozni. Lisszaboni tartózkodást terveztünk akkorra. Úgyhogy az írást elhalasztottam, majd a 8 órás Lisszabon–New York repülőúton kezdem el. A kettesben tett városnéző séta közben sem tudtam szabadulni a hálózatoktól: a fejemben lassan összeállt a kézirat, miközben lábammal Santa Cruz keskeny utcáit térképeztem.

Amikor a repülő a magasba emelkedett, hevesen gépelni kezdtem. Már éppen készen voltam a kézirat bevezetőjével, amikor a szomszédomnak kólát szervírozó légi utaskísérő a pohár tartalmát a számítógémem billentyűzetére lötytyintette. Egyetlen mozdulattal tönkretette a vadonatúj laptopomat, és széttúzta az álmomat, hogy a repülőúton elkészülök a kézirat első változatával.

En viszont nem adtam fel. Elkészítettem a piszkozatot, mégpedig egy jegyzetömbre írva, amit a büntudatos utaskísérő hozott nekem a baleset után. És egy héten belül be is küldtük a cikket a *Science* szerkesztőségébe.

Közben üldözési mánia lett úrrá rajtam. Két kéziratot küldtünk be közlésre akkortájt. Az első a skálafüggetlen hálózatok felfedezéséről szólt a világháló kapcsán, és az már elbírálás alatt volt a *Nature*-nél. A *Science*-be éppen csak beküldött másodikban megmutattuk, hogy a skálafüggetlenség univerzális, és annak eredetére is magyarázatot dolgoztunk ki. Az biztos, hogy a *Nature* és a *Science* a két legelismertebb tudományos lap a földkerekségen. Egyszersmind ez a kettő a leghírhedtebb a kéziratok elutasítási arányát illetően. A beküldött kéziratok kevesebb mint 10%-át közlik, tehát annak a valószínűsége, hogy egyiket sem fogadják el, meghaladta a 81%-ot. Még nyugtalanítóbb, hogy annak az esélye, hogy mindkettőt közlik, nem érte el az 1%-ot.

A hálózatokról szóló előző cikkem két évvel ezt megelőzően vetélt el, és akkor fel is adtam a dolgot. Mi lesz, ha ez a két kézirat is hasonló sorsra jut? És mi lesz akkor, ha időközben más is felfedezi ugyanezt? A jelenség annyira feltűnő és nyilvánvaló, hogy a független felfedezés lehetősége bőven belefért. Cselekvési tervre volt szükségem ezekre az esetekre is.

A fizikusok közösségében elvárják, hogy a rövid közleményeket, amilyenek a *Nature*, a *Science* vagy a *Physical Review Letters* hasábjain jelennek meg, egy „hosszú” cikk kövesse, amelyben a szerzők részletesen kifejtik az eredményeiket. Úgyhogy ez alatt a hét nap alatt Réka, Hawoong és én a hosszú közleményt is megírtuk. Felhívtam Gene Stanley-t, a *Physica A* főszerkesztőjét, hogy közöljem: egy épp most befejezett kéziratunkat náluk akarjuk publikálni, ha hajlandóak a gyors elbírálásra. Kétem, hogy az „épp most”-ot elhitte, de azért megígérte, hogy igyekeznék.

Néhány nap múlva beigazolódtott, hogy nem volt alaptalan az üldözési mániám. Alighogy az erdélyi Csíkszeredába, szülővárosomba értem, megjött a *Science* értesítése a visszautasításról. Csálódottan bár, de a cikk fontosságáról meggyőződve olyat tettem, mint soha: felhívtam az elutasító levelet aláíró szerkesztőt, elkeseredett kísérletet téve véleménye megváltoztatására.

Megdöbbenésemre sikerrel jártam, mert a szerkesztő elbírálásra kiküldte a kéziratot. Néhány hónappal később pedig az 1%-os eshetőségű szcenárió vált valóra: a *Nature*, a *Science* és a *Physica A* egyaránt elfogadta közlésre a cikkünket [9,10,11]. Váratlan, de örömteli kárpótlás volt ez a hálózatok kutatásában öt év alatt megélt kudarcaimért.

A hit hevében (1999)

Négy egyetemistával és posztdoktori kutatóval akkoriban kicsinek számított a csoportom. Réka kivételével mindannyian felületkutatással és kvantumpöttyökkel foglalkoztak. A *Science*-cikkünk elfogadása után néhány nappal csoportmegbeszélést hívtam össze, hogy bejelentsek valamit, amiről tudtam, hogy néhány embert letaglóz a csoportban. Közöltem, hogy felhagyunk az anyagtudományal. Az ok egyszerű: a továbbiakban nem akartam megosztani az időmet és a figyelmemet a kedvenc témám és a kutatási költségeket eddig fedező téma között. A végleges kinevezésemig hátralevő három évben a kvantumpöttyök helyett a hálózatok kutatásával foglalkozunk. A csoport minden tagja választás elé kényszerült: vagy áttér az új témára, vagy elvállunk.

Kélt hallgató hagyta ott a szakert, a többiek viszont követtek az új, de járhatatlan úton.

Negyedik kudarc: támogatás (1999)

Ha megalapozott kutatási területen dolgozol, és jó munkát végzel, csak idő kérdése, hogy anyagilag is támogassák a kutatásaidat. A nem létező kutatásokba kezdés viszont fejtörést okozó nehézségekkel jár együtt.

A jó hír az, hogy a Nemzeti Kutatási Alap (NSF) éppen akkor ítelt meg támogatást a kvantumpöttyök kutatására. A rossz hír pedig az, hogy az a téma addigra már egyáltalán nem érdekelt. A kutatást elősegítő pénzösszeg birtokában persze tehettem volna úgy, mintha az adott témával foglalkoznék. Viszont akkor nagyon kellemetlenül éreztem volna magam. Felhívtam hát az NSF illetékes vezetőjét, hogy a megítélt támogatást fordíthatom-e hálózati kutatásra.

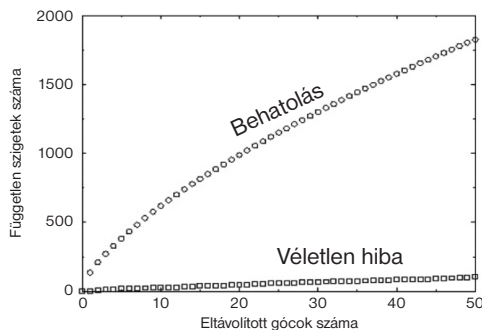
Válasza nemleges volt. Vagy azzal foglalkozom, amit vállaltam, vagy visszautalom az összeget az NSF számlájára. Ez maga a 22-es csapdája: arra volt pénzem, hogy a bevált témában lassan csordogáljanak az eredmények, viszont arra nem, hogy olyasmivel foglalkozzam, ami talán a világot is megválthatja.

Végül, hogy ne adjam fel az álmaimat, visszautaltam a támogatás összegét. Ezzel azonban bizonytalanságba sodortam a csoportomat: borzasztóan nagy szükségünk volt anyagi támogatásra, de nem létezett olyan kutatásfinanszírozó szerv, amelyik elfogadható kutatási témának tekintette a hálózatokat. Am egyszerűen csak észrevettem a Védelmi Kutatások Ügynökségének (DARPA) felhívását olyan technológiák kidolgozására, amelyek lehetővé teszik, hogy a hálózatok a jövőben ellenálljanak a behatolásoknak a hálózati szolgáltatások fenntartásával.

Nyilvánvaló volt, hogy a felhívás a számítógép-tudományt művelő szakértőknek szólt. Azonban meg voltam győződve arról, hogy a kiírásnak megfelelő hálózatok nem valósíthatók meg anélkül, hogy megértenénk a hálózatok topológiáját és az abból fakadó sérülékenységet. Az általunk éppen akkor felfedezett skálafüggetlenség, ami a góccok velejárója, hatással kell, hogy legyen a DARPA számára kifejlesztendő bármilyen technológiára. A *Nature* és *Science* hasábjain éppen akkor közölt felismeréseink alapján megcsípjük a választ – véltem én –, és elmerültem a pályázat-írásban.

Éreztem azonban, hogy kell még valamiféle „füstgyertya”, irányjelző, támpont a programfelelős meggyőzésére, hogy a hálózat topológiájának kulcsszerepe van a megbízhatóságban. Ezért Réka nekilátott, hogy random módon csomópontokat távolítson el a skálafüggetlen hálózathoz, mintha hiba lépne fel az alkotóelemekben. Megnézte, hogy támadások esetén milyen következménnyel járnak az ilyen hibák, azaz a góccok eltávolítása. Az összehasonlítás eredménye drámai volt: a skálafüggetlen hálózat meglepően ellenállt a véletlenszerű hibáknak, de félelmetesen érzékeny volt a támadásokra. Ezt a felismerést is gyorsan belevettem a pályázatba, azon meggyőződésünktől vezérelve, hogy így kétségtelenül de-

8. ábra. 1999: A hibátűrés. A DARPA támogatásáért beadott pályázatunkhoz készített ábra azt mutatja, hogyan hat a topológia a hálózati hibákra, és hogyan viselkedik a hálózat a behatolással szemben



monstráltuk a hálózati topológia kulcsszerepét a hibátűrésben (8. ábra).



9. ábra. 2000: Achilles-sarok. A *Nature* 2000. július 27-i számának címlapja a sikertelen DARPA-pályázatunk által ihletett cikkünket emeli ki

Miután a pályázatot a november 1-jei határidőre beküldtük, azt javasoltam Rékának és Hawoongnak, hogy mivel a pályázatban megfogalmazott kérdések annyira izgalmasak, azonnal kezdjünk is a vizsgálatukba, ne várjunk a DARPA döntésére. A részletesebb kutatások eredményeiről írt kéziratot a *Science*-nek küldtük, csakis azért, hogy bírálatra bocsátás nélkül elutasítsák.

Újra felhívtam a szerkesztőt, aki azt mondta, hogy szerinte a kéziratban nincs lényeges újdonság az előzőleg náluk megjelent cikkhez képest. A szavam elállt, nem is tudtam meggyőzni őt az ellenkezőjéről. A kéz-

iratot változtatás nélkül küldtük be a *Nature*-be.

Hónapokkal később a DARPA elutasította a pályázatunkat. A *Nature* viszont elfogadta a cikket, még a címlapra is felkerült (9. ábra) [12].

Ötödik kudarc: „nevetségesen rossz”

Valahányszor jelentős tudományos felfedezés történik, akad olyan kutató, aki élete küldetésének tekinti azt, hogy az Univerzum egyensúlyának helyrebillentése érdekében minden tőle telhetőt megtegyen az adott téma föld színéről való eltörléséért. Ha a hálózati kutatás méltó a világ átalakítására, akkor nem kerülheti el a saját sorsát.

„Nevetségesen rossz” – fogalmazott a vele készített számos interjú egyikében John Doyle, a hálózatok saját maga által kikiáltott szakértője, aki a Caltech-en szabályozásmérlelletel foglalkozott. Ezzel a kijelentésével feltette a pontot az i-re a hálózatkutatással szemben folytatott évtizedes keresztes hadjáratában. A kisvilág sajátosság eleinte meglepetésként hatott, ám könnyen le lehetett származtatni, és évtizedes kutatások támasztották alá. A skálafüggetlenség mint tulajdonság egészen más eset, amely egy csomó más kérdést is felvet, azokra pedig eredetileg nem tudtunk válaszolni. Ha annyira általános, miért nem tűnt fel évtizedekkel hamarabb? Vajon a növekedés és az előnyben részesített kapcsolódás nem csupán az egyike a lehetséges magyarázatoknak? Pareto óta tudunk a hatványfüggvény-eloszlásról, a mostani eset miért volna más? Bollobás Béla még nyersebben fogalmazott első találkozásunk alkalmával a budai Várban: egzakt matematikai bizonyíték hiányában a skálafüggetlenség „nem is létezik”.

Ezek mind jogos kérdések voltak, és lettek is következményeik. Csak a matematikában jártas kutató tudott építeni a skálafüggetlenség koncepciójára. A megértés hiánya miatt keletkezett űr zűrzavar és téves információk forrása lett. Ezt az űrt töltötte ki John Doyle fellelengzős szövegével, valahányszor mikrofont tartottak a szája elé.

Aztán lassan megfordult a széljárás. José Mendez, Szergej Dorogovcev és Sid Redner a rátaegyenleteket alkalmazva szilárd alapokra helyezte a skálafüggetlen hálózatok kontinuumelméletét [13, 14]. Bollobás Béla néhány munkatársával együtt pedig egy korzhathatárt jelentő tanulmányban a skálafüggetlenség pontos bizonyítását közölte [15]. Shlomo Havlin és tanítványai beépítették a

perkolációelméletbe a hibátűrő képességet [16]. Bollobás és Riordan pedig egzakt bizonyítással jelentkezett [17]. A felfedezések láncolata meggyőzően mutatta, hogy a skálafüggetlenség milyen mélyen beleszól egy hálózat viselkedésébe, miként Romualdo Pastor-Satorras és Alessandro Vespignani klasszikus eredménye is jelezte a járványküzőb megcsúszására vonatkozóan [18]. Ezzel együtt a szakma körök kezdték tudomásul venni a fokszámoszlás központi szerepét a hálózatok esetében. Ezek fényében kell interpretálni a hálózatok minden jellemzőjét a „hat lépéstől” a hibátűrő képességig. A témában felvetődő sok alapvető kérdés kutatók száját vonzotta erre a területre, és új diszciplínaként lassan kialakult a hálózattudomány.

Összefoglalás

Az imént felidézett események akár egy sikersorozat részeinek is tekinthetők. Az 1999-es *Science*-cikkünk a skálafüggetlen hálózatokról egy évtizeden belül a legtöbbször idézett cikk lett a fizika tudományán belül. A hibátűrő és a behatolással szemben tanúsított viselkedésről szóló 2000-es *Nature*-cikkünk [12] pedig nemcsak a címlapra került, de a hálózatok hibátűrő képességének megértését is lényegesen elősegítette. A következő évet Réka és én a hálózatokról szóló áttekintés megírásával töltöttük. Ez a szakterület szellemi alapjait lefektető tanulmányunk utóbb a *Review of Modern Physics* legidézettebb cikke lett [19]. Ezek után a *Nemzeti Kutatási Tanács* (NRC) 2005. évi jelentésében, amelyet az USA nemzeti akadémiai adtak közre, megjelent a hálózattudomány kifejezés, és a jelentés meggyőzte az amerikai kormányzatot, hogy érdemes több százmillió dollárral támogatni ezt a kutatási területet, mert az egy új, önálló tudományos diszciplína. Végül a legrangosabb tudományos kiadók, így a Cambridge University Press, az Oxford University Press és a vezető mérnöki társaság, az IEEE is önálló folyóiratot indított az új szaktudomány előmozdítására, eredményeinek közlésére. Mindenképpen új tudomány születésének lehettünk tanúi az interdiszciplináris kutatóközösség ráhangolódó közreműködésével.

A tudományban ritkán vezet egyenes út a sikerhez (10. ábra). Az új ötletek megemésztéséhez évekre van szükség. Láttuk, hogy a skálafüggetlen hálózatok elmélete e tekintetben kivétel: a szikra kipattanásától számítva 10 napon belül beküldésre kész volt a cikk kézírata. Ennek ellenére, ha nem előzte volna meg az öt évig tartó, látszólag terméketlen munka, a szikra talán sosem idézett volna elő tüzet.

A hálózattudomány arra is jó példa, hogy a kutatásban mennyire fontos az együttműködés és a mentorálás szerepe. Mielőtt Réka és Hawoong csatlakozott volna hozzám, csupán ötletek és

kudarok sorozata volt az egész, amire képes voltam. Hawoong ügyessége nélkül, amelynek köszönhetően feltérképezte a világhálót, soha nem fedeztük volna fel a skálafüggetlenség tulajdonságát. Réka pedig gördülékenyen kezelte a matematikát, ami lényeges volt a skálafüggetlenség modelljének elméleti leírásához. A biológiai hálózatokra vonatkozó későbbi kutatásaink nem történtek volna meg, ha Oltvai Zoltán orvos, a Northwestern University kutatója nem győzt volna meg bennünket arról, hogy a hálózatokat érdemes a sejtbiológiára is alkalmazni, és végig is vezetett minket a fehérjék és az anyagcsere útvesztőin [20,21,22]. Ezek nem egyéni munkák voltak, hanem mind egy szálíg közös felfedezések.

Manapság számos szakterület tekinti sajátjának a hálózattudományt. A matematikusok jogosan birtokolják, a gráfelméletre hivatkozva előjoguk van; a szociológusok társadalmi hálózatokra vonatkozó vizsgálatainak története évtizedekre nyúlik vissza; a fizika kölcsönözte az univerzalitás fogalmát, és olyan vizsgálati eszközöket szolgáltatott, amelyek ma nélkülözhetetlenek a hálózatok kutatásában; a biológia százmillió dollárokat fektetett a sejten belüli hálózatok feltérképezésébe; a számítógép-tudomány algoritmikus lehetőségeket teremtett, lehetővé téve a hatalmas hálózatok vizsgálatát; a mérnöki tudományok területén működők pedig nagy erőfeszítéseket tettek az infrastrukturális hálózatok feltárására. Nagyszerű, hogy egymástól ennyire eltérő részeket sikerült végül egymáshoz illeszteni egy új tudomány születése érdekében.

A könyv, amihez ezt bevezetőként írtam, tanúságtétel arról az elképesztő haladásról, amelyet ez a közösség elért a magával ragadó úton. A hálózattudomány sikerének folytatódása azon múlik, hogy képesek leszünk-e fenntartani a kutatás multidiszciplináris jellegét, lehetővé téve, hogy minden kutató megjeleníthesse a saját nézőpontját. Az ötleteknek és szempontoknak ez az ütköztetése a kutatási terület erőssége és szellemi hajtómotorja marad.

Fordította: SZABADOS LÁSZLÓ

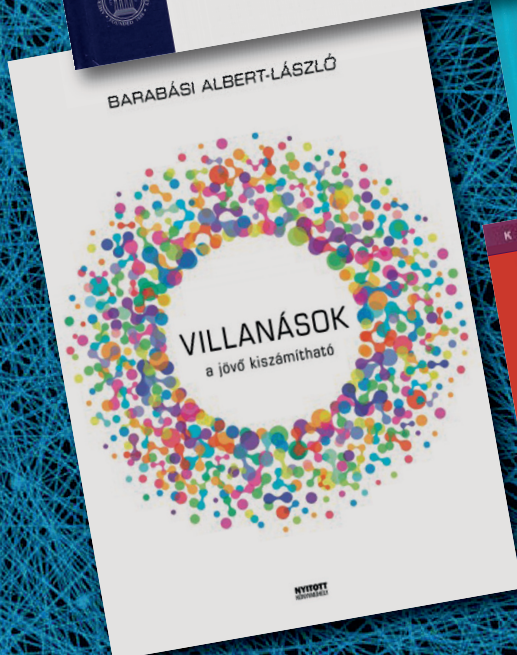
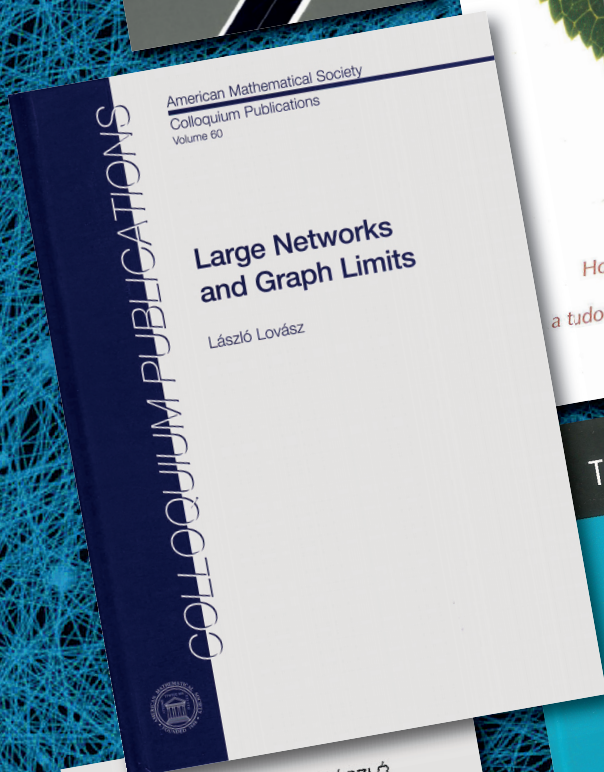
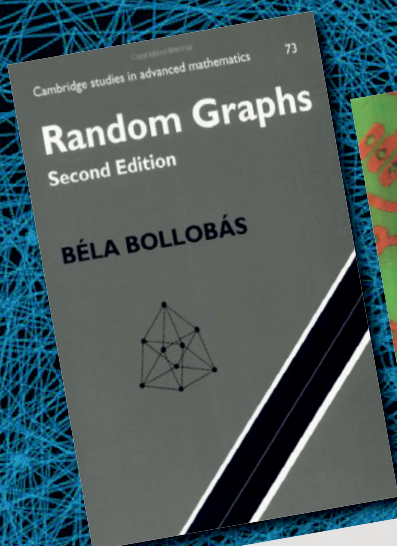
Irodalom

- [1] A.-L. Barabási (1996): Invasion Percolation and Global Optimization. *Physical Review Letters*, 76, 3750.
- [2] B. Bollobás (2001): *Random Graphs*. Cambridge University Press.
- [3] P. Erdős, A. Rényi (1959): On random graphs, I. *Publicationes Mathematicae* (Debrecen), 6, 290–297.
- [4] S. Kauffman (1993): *Origins of Order: Self-Organization and Selection in Evolution*. Oxford University Press.
- [5] A.-L. Barabási (1995): Dynamics of Random Networks: Connectivity and First Order Phase Transitions. <http://arxiv.org/abs/cond-mat/9511052>.
- [6] I. de Sola Pool, M. Kochen (1978): Contacts and influence. *Social Networks*, 1, 5–51.
- [7] S. Milgram (1967): The Small World Problem. *Psychology Today*, 2, 60–67.
- [8] D. J. Watts, S. H. Strogatz (1998): Collective dynamics of ‘small-world’ networks. *Nature*, 393, 409–10.
- [9] H. Jeong, R. Albert, A.-L. Barabási (1999): Internet: Diameter of the worldwide web. *Nature*, 401, 130–131.
- [10] A.-L. Barabási, R. Albert (1999): Emergence of scaling in random networks. *Science*, 286, 509–512.
- [11] A.-L. Barabási, H. Jeong, R. Albert (1999): Mean-field theory for scale free random networks. *Physica A*, 272, 173–187.
- [12] R. Albert, H. Jeong, A.-L. Barabási (2000): Error and attack tolerance of complex networks. *Nature*, 406, 378–382.
- [13] S.N. Dorogovtsev, J.F.F. Mendes, A.N. Samukhin (2000): Structure of growing networks with preferential linking. *Physical Review Letters*, 85, 4633.
- [14] P. L. Krapivsky, S. Redner (2002): Statistics of changes in lead node in connectivity-driven networks. *Physical Review Letters*, 89:258703.
- [15] B. Bollobás, O. Riordan, J. Spencer, G. Tusnády (2001): The degree sequence of a scale-free random graph process. *Random Structures and Algorithms*, 18, 279–290.
- [16] R. Cohen, K. Erez, D. ben-Avraham, S. Havlin (2000): Resilience of the Internet to random breakdowns. *Physical Review Letters*, 85:4626.
- [17] B. Bollobás, O. Riordan (2003): Robustness and Vulnerability of Scale-Free Random Graphs. *Internet Mathematics*, 1.
- [18] R. Pastor-Satorras, A. Vespignani (2001): Epidemic spreading in scalefree networks. *Physical Review Letters*, 86, 3200–3203.
- [19] R. Albert, A.-L. Barabási (2002): Statistical Mechanics of Complex Networks. *Reviews of Modern Physics*, 74: 47.
- [20] H. Jeong, B. Tombor, R. Albert, Z. N. Oltvai, A.-L. Barabási (2000): The large-scale organization of metabolic networks. *Nature*, 407, 651–655.
- [21] H. Jeong, S. P. Mason, A.-L. Barabási, Z. N. Oltvai (2001): Lethality and centrality in protein networks. *Nature*, 411, 41–42.
- [22] A.-L. Barabási, Z.N. Oltvai (2004): Network biology: understanding the cell’s functional organization. *Nature Reviews Genetics*, 5, 101–113.

10. ábra. A sikerhez vezető út a karikaturista szerint. Én is a jobb oldalon látható kacskaringós utat jártam be

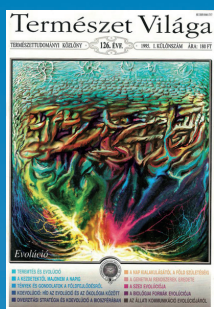


Különszámunkhoz ajánlott olvasnivaló

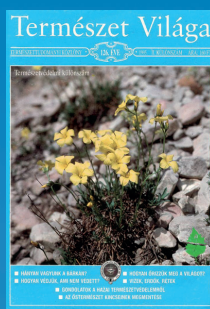


A Természet Világa különszámai

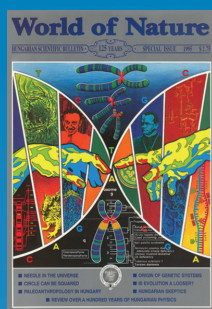
A különszámok ára az utolsó három kivételével egységesen 500 Ft. Korlátozott számban megrendelhetők a Kiadónknál, a Tudományos Ismeretterjesztő Társulatnál (1088 Budapest, Bródy Sándor utca 16. Telefon: 327 8965, fax: 327 8969, e-mail: titlap@telc.hu). A -tel megjelölt számaink már csak könyvtárakban hozzáférhetők.



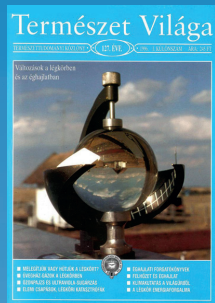
Evolúció (1995) 



Természetvédelem (1995) 



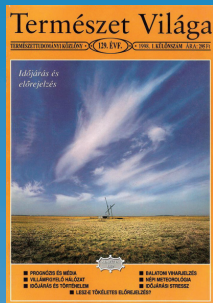
World of Nature (1995)



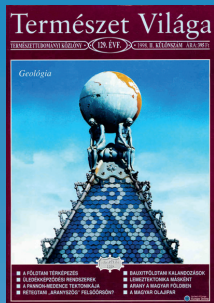
Változások a légkörben és az éghajlatban (1996) 



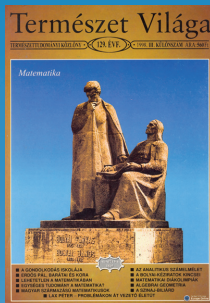
A biológiai sokféleség (1996) 



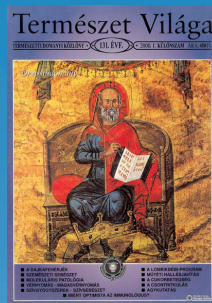
Időjárás és előrejelzés (1998) 



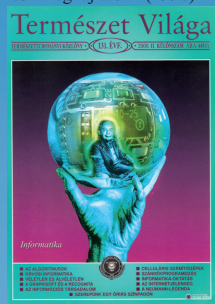
Geológia (1998)



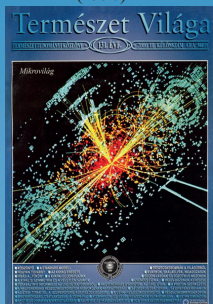
Matematika (1998) 



Orvostudomány (2000)



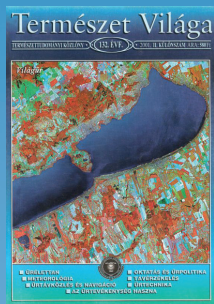
Informatika (2000)



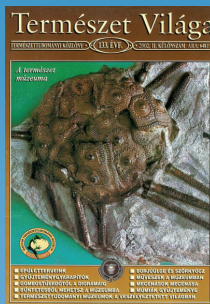
Mikrovilág (2000) 



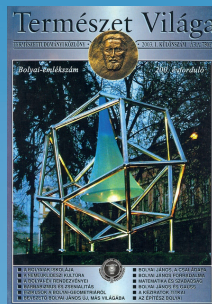
A magyarországi fizika kultúrtörténete (2001, 2002)



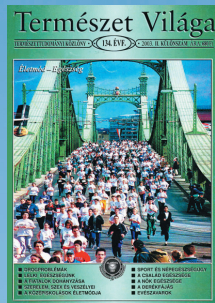
Világűr (2001) 



A természet múzeuma (2002)



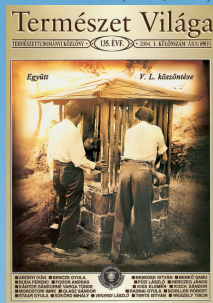
Bolyai-emlékszám (2003)



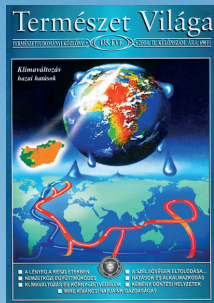
Életmód – Egészség (2003)



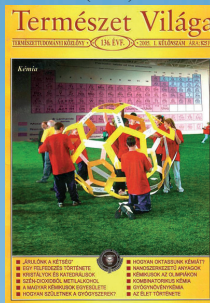
Neumann-emlékszám (2003)



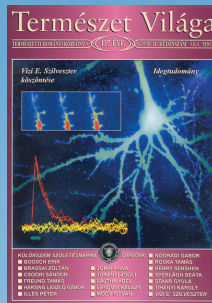
Együtt (2004)



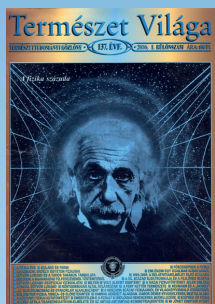
Klímaváltozás (2004) 



Kémia (2005)



Idegtudomány (2006)



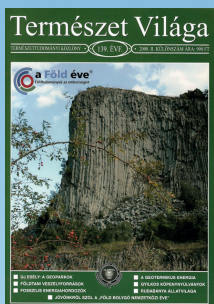
A fizika százada (2006)



Napjaink kémiája (2007)



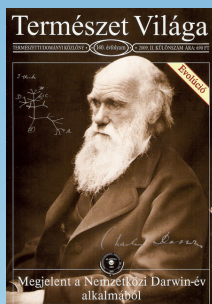
Földközben a világűr (2008)



A Föld éve (2008)



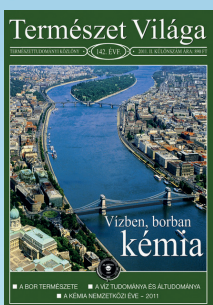
Feltárul a Világegyetem (2009)



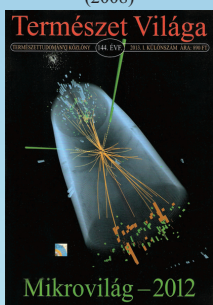
A Darwin-év (2009)



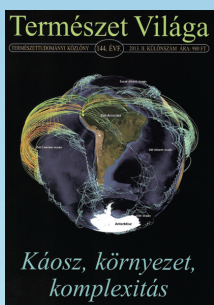
Emberközben a fizika (2011)



Vízben, borban kémia (2011)



Mikrovilág – 2012



Káosz, környezet, komplexitás (2013)
Ára: 980 Ft



A Kalmár-verseny feladatai (2014) Ára: 980 Ft



Európával a világűrben (2014) Ára: 980 Ft