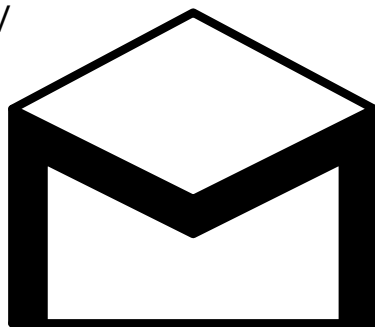
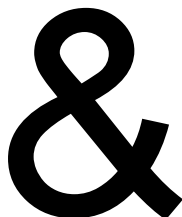
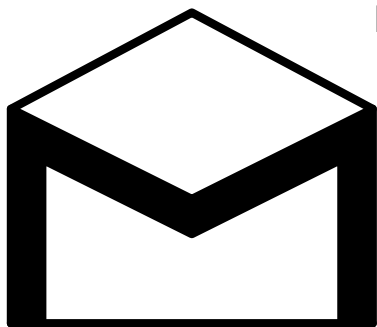


STUDENTSKÝ ČASOPIS A KORESPONDENČNÍ SEMINÁŘ

Ročník XXIV

Číslo 2



MATEMATIKA

FYZIKA

INFORMATIKA



Uvnitř najdete několik úloh a témat k zamyšlení. Vyřešte je a pošlete nám je. My vám je opravíme a pošleme zpět s dalším číslem, nejzajímavější řešení otiskneme. Nejlepší řešitele zveme na podzim a na jaře na soustředění.

Milí řešitelé,

taky máte pocit, že sezení ve školních lavicích už bylo zase na čas dost a chtělo by to alespoň dva měsíce prázdnin? Nezoufejte! Druhé letní prázdniny sice zařadit nedokážeme, během přípravy podzimního soustředění jsme si ale našli chvílku času na to, abychom pro vás připravili druhé číslo časopisu M&M. Kromě další série zajímavých úloh v něm naleznete dvě nová témátka, můžete si tedy některé, ať už zadané v tomto nebo v předchozím čísle, vybrat a sepsat o něm článek. Připomínáme, že body získané za články a úlohy se nejen objeví na posledních stránkách tohoto časopisu, ale také máte díky nim šanci jet na jaře na týdenní soustředění plné zajímavých projektů, přednášek a her. A to už je skoro jako malé prázdniny.

Příjemné řešení vám přejí

Vaši organizátoři

Zadání úloh

Termín odeslání 2. série: 5. 12. 2017

„Vsadím se o cokoli, že všichni dobře víme, proč jsme sem byli sezváni,“ promluvil petrohradský velvyslanec.

Já to nevěděl. Nevěděl jsem, proč byli sezváni, kam byli sezváni, že byli sezváni, ani jsem nevěděl, že zmíněná věta vůbec zazněla, neboť jsem nebyl přítomen.

„Jak víte, všichni víme vše, proto jsme tu,“ odpověděl stroze kancléř a vzápětí všechny ujistil, že situaci drží pevně v rukou. A skutečně, celý hrad se zahradou i všemi komnatami podléhal nejprísnějšímu dozoru hrstky mocných, jejichž pečlivě propočítanými plány se řídilo veškeré dění na hradě od transakcí ze státní pokladny po nejnepatrnější krůčky princů a princezen hemžících se tanečním sálem přímo před kancléřovými očima u příležitosti bálu.

Úloha 2.1 – Na plese (3b)

Na plese spolu tančilo 102 princů a 103 princezen. Po skončení plesu se zjistilo, že každý princ tančil se stejným počtem princezen. Dokažte, že existují dvě princezny, které si zatančily se stejným počtem princů.

„Jeden pár vypadl z taktu,“ sykl kancléř a za mými zády pokynul drobnému mužikovi. Upozorněný, ministr pořádku Clausio Entropius, odběhl z dohledu a jelikož si byl vědom, že o tom nevím, začal odříkávat zaklínadla ze starých Maxwellových spisů.

Tančící již jen pozorovali, jak vstoupiv do sálu utnul hudbu elegán v klobouku, zpod nějž trčely zahnuté rohy, a začal přítomné organizovat: „Rozdělte se teď na základě pohlaví, každé k jedné stěně; tím vzniknou dvě skupiny, jestli se nemýlím, je to tak?“

Úloha 2.2 – Čtveřice množin (3b)

Kolik existuje čtveřic množin (A, B, C, D) takových, že¹

$$A \subseteq B \subseteq C \subseteq D \subseteq \{1, 2, \dots, n\}$$

pro dané přirozené n ?

Čtyři skupiny... A navíc v tomto vztahu... Jak jsem rád, že jsem se o tom nikdy nedověděl! Dozajista bych se byl raději vydal poslouchat kancléře. Kolik informací bych od něj byl mohl získat!

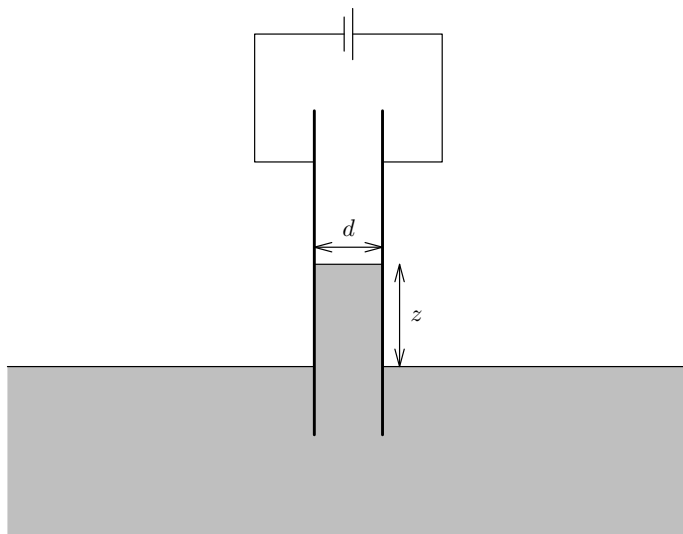
„Jak všichni víte, všichni víte, kde se král nachází.“ Všichni přikývli. Já jediný to nevěděl. „Všichni rovněž víte, jak je důležité, aby přežil. Je dobře zásobován?“

„Mí lidé pracují na neotřelém návrhu mechanismu, jenž k němu vyzdvihne vodu ze sklepení pomocí síly elektrické!“

„Dosáhne dost vysoko?“

Úloha 2.3 – Namočený kondenzátor (5b)

Máme deskový kondenzátor, jehož spodní část je ponořená do vody jako na obrázku 1. Na kondenzátor je přivedené napětí $U = 200 \text{ V}$ a vzdálenost desek je $d = 0,4 \text{ mm}$. Pokud zanedbáme kapilární jevy, do jaké výšky z vystoupá vodní hladina? Jev se ustálí po dosažení minima energie soustavy.



Obrázek 1: Kondenzátor ponořený do vody

¹zápis $A \subseteq B$ znamená „ A je podmnožina B “.

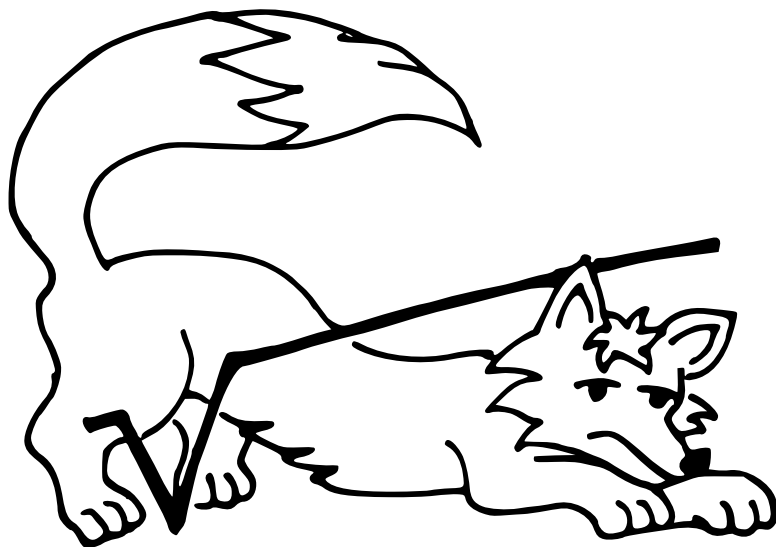
To je mi pokrok! Proč mne o tomto nikdo nikdy nezpravil? Proč jsem já ten jediný, který nic neví a nikde není? Být zde přítomen, mohl jsem postřehnout, jak kancléř začal v duchu přemítat nad ještě děsivějšími hrozbami pro krále, než je vyhladovění. Co právě dělají nejpodezřelejší obyvatelé hradu?

„Zahradník zalévá zahradu,“ odpověděl zdvořile ministr pořádku na kancléřovu nevyřčenou otázku.

Úloha 2.4 – Zalévání zahrádky (2b)

Nezaprší a nezaprší. Zahradník vzal hadici, postavil se doprostřed zahrady a začal zalévat. Trochu ho to již přestává bavit, a tak přemýšlí, čím by zaměstnal svůj bystrý mozek. A vtom mu na mysli vyvstane otázka – na jaké křivce leží body maximální výšky, kam dostříkne hadicí (při zanedbání odporu vzduchu), bude-li stát na místě, stříkat jedním směrem a bude pouze měnit úhel náklonu hadice ve vertikální rovině? Přijďte na to dřív než on? Zkuste křivku popsat matematicky a graficky znázornit.

Kancléř si spokojeně zamnul ruce s vítězoslavným úsměvem. Pak se pokusil přivést další instrukce do obecného povědomí přítomných, byv však po několika hodinách přerušen koncem slavnosti rozloučiv se vydal se sám nepozorován rovnou k úkrytu krále, tedy neznámo kam. Šel nevím kudy, nevím jak dlouho, či jak daleko, tu však pojednou zastavil, odemkl dveře a já poznal... že již ležím dávno mrtvý, zavražděn.



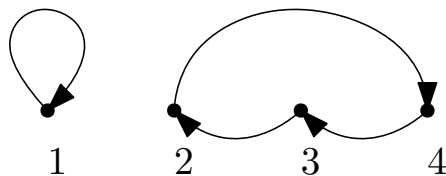
Zadání témat

Téma 4 – Odmocniny

Co je odmocnina? Začněme druhou odmocninou: $\sqrt{y} = x$ právě když $y = x \cdot x$. Co kdybychom ale odmocňování zobecnili a násobení zaměnili za jinou operaci? Pro začátek můžeme vyzkoušet odmocňování pro skládání permutací.

Permutace je matematické označení pro prohazování prvků. Takové prohazování můžeme zapsat více způsoby. Třeba zápis $(1, 3, 4, 2)$ vyjadřuje takové prohození čísel $(1, 2, 3, 4)$, kdy na prvním místě zůstane jednička, na druhém místě se objeví trojka, na třetím čtyřka a konečně na čtvrtém místě bude dvojka. Permutaci ale nemusíme použít pouze na řetězec $(1, 2, 3, 4)$, ale i na jiné posloupnosti čísel délky 4. Speciálně ji můžeme použít i na řetězec $(1, 3, 4, 2)$, pak vznikne posloupnost $(1, 4, 2, 3)$. Postupu, kdy permutaci aplikujeme na výstup jiné (nebo stejné) permutace, říkáme skládání permutací a budeme jej značit \circ . Naše permutace složená sama se sebou tedy dává permutaci $(1, 4, 2, 3)$, což pomocí našeho značení zapíšeme jako $(1, 3, 4, 2) \circ (1, 3, 4, 2) = (1, 4, 2, 3)$. Pozor, abychom dostali přímo výslednou permutaci, musíme začít s posloupností $(1, 2, 3, 4)$. Tato posloupnost je ostatně také permutací, velmi specifickou, která neprohodí žádná čísla. Říkáme jí také identita.

Pro snadnější skládání se hodí i jiný způsob reprezentace permutací, kdy si pomocí šipek nakreslíme, odkud kam se prohazují čísla. Pro naši permutaci by taková reprezentace vypadala jako na obrázku 2:



Obrázek 2: Grafické znázornění permutace

Pro začátek zkuste vyřešit následující problémy:

- Které permutace složené samy se sebou dávají identitu? Zkuste najít všechny takové a charakterizovat je pro libovolně dlouhé posloupnosti čísel.
- Představte si, že dostanete libovolnou permutaci p . Jak najít permutaci q , pro kterou platí $p = q \circ q$? Kdy taková permutace existuje?

Pokud tě skládání permutací nezaujalo, můžeš samozřejmě vymyslet jiné zajímavé operace a řešit podobné problémy pro ně.

Téma 5 – Dají se přeprogramovat živé organismy?

Syntetická biologie je vědní odvětví na rozmezí několika oborů. Kromě biologů a inženýrů se v ní snadno najdou i informatici nebo matematici. Je to poměrně mladý obor, který se snaží vypomoci bioinženýrským oborům obecně tím, že standardizuje „součástky“ a jejich metody spojování, které pak umožní pracovat na vyšších inženýrských úrovních. Podobná revoluce proběhla v samotném inženýrství – považte, šroubků je sice i tak mnoho druhů, ale kdyby si každý vyráběl na míru své vlastní, nestandardní, nejspíš by nikdo nikdy nepostavil třeba auto, a už vůbec ne masově. Syntetická biologie se snaží mimo jiné umožnit, aby mohli jedni vědci vyrábět z elementárních součástí základní moduly a jiní je potom bez obav mohli používat k vytváření větších celků. Ono v biologii nic není tak předvídatelné, jak by se inženýrovi nebo programátorovi mohlo zdát, především proto, že systém není vytvořen člověkem jako programovací jazyky ani založen na základním konečném množství fyzikálních zákonů jako inženýrství. Biologický systém je neuvěřitelně složitý, formovaný miliony let evoluce a málo prozkoumaný. Na druhou stranu, bioinženýrství je novou nadějí například pro uživení populace s rozumným množstvím zemědělské půdy, pro řešení problémů znečištění přírody a zajištění obnovitelné energie a dalších důležitých přírodních zdrojů, nebo pro medicínu.

Skoro všechny moduly a součástky, o kterých se bavíme, jsou ve formě DNA (deoxyribonukleová kyselina). DNA je nositelkou genetické informace a díky biologicky (téměř) universálnímu kódu je možné ji přeložit do proteinů, které v buňkách plní všemožné funkce, nejzajímavější mají asi enzymy při katalýze reakcí. Design DNA (především počítačový) a experimentální realizace plánu jsou tedy základními kameny nejen syntetické biologie a ostatních bioinženýrských oborů, ale už dávno před nimi je využíval i základní výzkum v jiných biologických odvětvích, protože cílený zásah do systému nám o něm může prozradit více než jenom jeho pozorování a měření.

V tomto tématku se postupně podíváme na všechna stádia, kterými se při takovém designu, sestavování a vpravení DNA do cílového organismu musí projít. První fáze je většinou počítačová. Když už máme nápad, jakou DNA bychom potřebovali pro náš experiment, můžeme použít různé počítačové nástroje na vizualizaci sekvencí DNA (složených z bází A,T,G,C) a jejich modifikaci, což nám pomůže s plánováním experimentu. Pokud známe cílovou DNA, je nejjednodušší si ji nechat u firmy (např. IDT) nasyntetizovat. To ale jde jen do určité velikosti a syntéza DNA na míru je oproti čtení zatím velmi drahá i pro většinu světových laboratoří. Takže se podíváme, jak se dá DNA poskládat z kousků DNA, které už máme nebo si můžeme objednat v databázích jako např. Addgene nebo iGEM distribuce Biobricks. Na poskládání naší DNA můžeme využít různé metody od starší metody založené na enzymatickém rozštěpování DNA na konkrétních místech a následné ligace v cyklech přes metody založené na restričních enzymech typu IIS, které štípají těsně vedle sekvence, jež rozeznávají. Mimo to existují speciální metody na skládání opravdu velkých kusů DNA dohromady, které nám pomá-

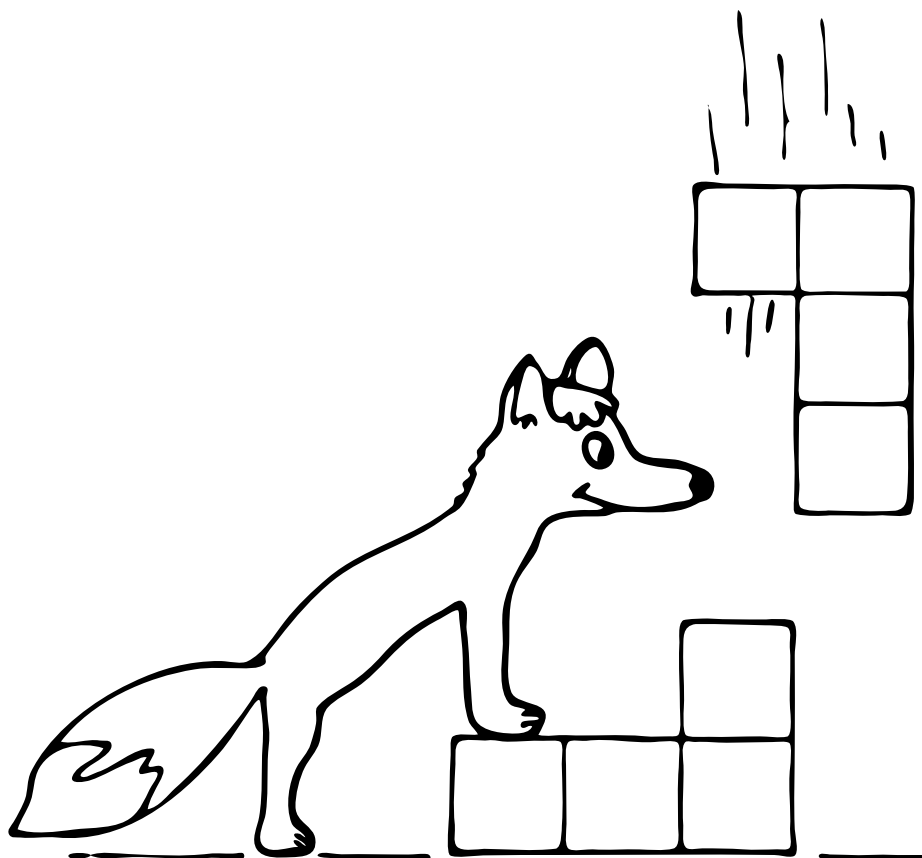
hají sestavovat umělé genomy. Zatím se vědci v tomto odvětví pokouší především o zjednodušení stávajícího genomu v naději, že pak bude snáze manipulovatelný. A samozřejmě, nesmíme zapomenout na CRISPR/Cas9, který dovede měnit DNA přímo v organismu na konkrétním místě. V neposlední řadě svůj poskládaný nebo nasyntetizovaný kus DNA potřebuje vědec ověřit sekvenováním, vpravit do živého organismu a pak testovat, jestli dělá to, co má. U některých modelových a dobře prozkoumaných organismů je vložení DNA jednoduché, u jiných to může být (zatím) nepřekonatelný problém. Navíc v mnoha případech zasahujeme do nepřiliš dobře prozkoumané a velmi složité sítě původních reakcí a procesů a efekty jsou těžko předvídatelné. A co se děje s naší novou DNA po mnoha generacích, když tak často jdeme svými požadavky proti evoluci? Co s tím můžeme dělat? Jak nám pomůže počítačové modelování? A co na to všechno etika?

Možných otázek je velmi mnoho a určitě můžete posílat příspěvky k čemukoliv, co vás zaujme. Velmi vítaný bude i podrobnější úvod do oboru, který ostatním poradí, odkud začít s průzkumem konkrétnějších témat. Pro začátek se zkusme zaměřit na první stádium – získání DNA a počítačové plánování, jak z něj sestavit finální sekvenci. K tomuto bude potřeba se trochu věnovat i technikám, které ke složení budou potřeba, zatím na teoretičtější rovině.

Zkuste se podívat, jaké existují databáze kousků DNA a jestli jsou dostačující. Jak moc se zatím daří standardizace „součástek“ a metod jejich skládání? Dají se stejně charakterizované součástky opravdu používat v jakémkoliv organismu, od bakterie po rostlinné či savčí buňky, nebo je v tom nějaký háček, a proč se tak často „optimalizují“ použité kodóny (souvisí to s genetickým kódem a „codon usage“)? Jaké může mít výhody používat zmíněné restriční enzymy typu IIS (stříhající mimo sekvenci, kterou rozeznávají) pro vytvoření naší nové DNA a pro přiblížení se cílům syntetické biologie? Některé velmi dobré programy na vizualizaci a modifikaci DNA jako třeba Geneious jsou komerční. Existují k nim dobré open source alternativy? Pro ty z vás, které zajímá informatika, může být výzvou vytvořit nebo vylepšit nějaký nástroj, který usnadní jakékoliv stádium v designu DNA. Můžete se zamyslet i teoreticky, jakým infromatickým výzvám tady takový programátor čelí a navrhnout pro ně možná řešení (bude na to asi potřeba vhléd z molekulární biologie).

Praktická řešení přinášející nové myšlenky a výtvořry jsou nejcennější a nebojte se pustit do větších, třeba i skupinových, projektů, ráda se o tom s vámi i poradím a pomůžu, kde začít a jak se spojit. Ze zajímavých nápadů, které budete ochotni zpracovat i anglicky, může vzniknout spolupráce se studentským klubem syntetické biologie na universitě v Cambridge. Těším se na vaše příspěvky.

Lucka



Časopis M&M je zastřešen Matematicko-fyzikální fakultou Univerzity Karlovy. S obsahem časopisu je možné nakládat dle licence CC BY 3.0. Autory textů jsou, není-li uvedeno jinak, organizátoři M&M.

Kontakty:

M&M, OVVP, MFF UK
Ke Karlovu 3
121 16 Praha 2

E-mail: mam@matfyz.cz
Web: <https://mam.matfyz.cz>
FB: [casopis.MaM](https://www.facebook.com/casopis.MaM)

