

致远

一. 前沿扫描

【数学】：

1.费马最后定理，证明可以更简单——数学家驾驭了可以通往纯数证明的领域



McLarty

来源: http://www.cwru.edu/artsci/phil/Proving_FLT.pdf

这个定理叫做费马最后定理，这是因为，这是费马最后一个被证明的猜想。

在 1630 年，费马在丢番图的数学书边距上，写下了他能够证明任意整数组 (x,y,z) 都不能满足 $x^n+y^n=z^n$,在 n 大于 2 为整数时候成立。

他同样在页边上写道，他能够证明。几百年来，费马是否能证明这个定理仍在争论，但是这个问题已经成为了数学中最具盛名的问题之一。几代数学家尝试发现证明，但都以失败告终。

所以，当怀尔斯在 1995 年取得突破后，“费马大定理的被证明令我们震惊，”麦克拉蒂（McLarty）说道，“我们想，现在怎么办？没有新的最有名的问题了。”

麦克拉蒂是美国凯斯西保留地大学 (Case Western Reserve) 哲学系教授，他擅长逻辑，本科学位是数学。他没有给出对费马大定理的证明，但提出这个定理可以用比怀尔斯用的理论少的多的论断来证明。

怀尔斯利用他对于数学深层次的理解以及对于其他人——包括亚历山大·格罗滕迪克——来给出他 110 页的证明以及最终的修改。

格罗滕迪克在 1960 到 1970 年代革新了数论，重铸了代数几何。他利用强的条件来支持抽象的理论，这些理论包括一个太大的集合以致于不能被标准集合论证明存在。

麦克拉蒂把格罗滕迪克的理论称为“一个工具箱”，他在一月圣迭戈的联合数学大会上说明，只有一小部分工具就可以来证明费马大定理。

“很多数论学家如同赛车选手，他们对车驾驭很好，但是却不能造出整辆车”麦克拉蒂说“格罗滕迪克给了一个能用很少力气造车的工具包。”

“格罗滕迪克利用强的集合论，但我认为他只需要这些理论的一部分。”麦克拉蒂说道“我用的是有限阶算术，所有集合都是利用几步从数字得出的。”

“你不需要利用一个集合又一个集合的数字，这是格罗滕迪克在他工具箱里用的以及怀尔斯用来证明定理的。”

麦克拉蒂给出了，所有格罗滕迪克的想法，即便是最抽象的，也能够利用很少的集合论进行修正，比标准集合论还要少。更特殊的是，它可以利用“有限阶算术”进行修正。这利用了比标准集合论更少的理论。

“我喜欢格罗滕迪克创造的完全的根基。”麦克拉蒂说道：“我想得到他所有的想法，并把它变得对数学家们更为有用。”

数学家哈佛·弗里德曼(Harvey Friedman), 由于在 MIT 拿到博士学位，三年后在斯坦福获讲师资格时才十八岁而成名，把这个工作称为：“澄清的第一步”。他正与麦克拉蒂交流，是否能够将他的工作进行推广，来看费马最后定理是否能够被纯数，而非集合论证明。

拓展阅读：

http://www.sciencenews.org/view/generic/id/348403/description/A_mathematician_puts_Fermats_Last_Theorem_on_an_axiomatic_diet

2. 莎翁？他在我的 DNA 里！



来自: <http://www.nature.com/nature/journal/vaop/ncurrent/full/nature11875.html>

如果你觉得你有记忆问题，那么你可以将你的想法留给未来的档案管理员。现在整个世界数字信息的储存量大概是三个泽字节（zettabyte）——这是三万亿个字节。这个数字还在持续增加中。所有的信息，至少是信息中最重要的，都需要地方来储存。硬盘太贵了，而且需要电力消耗，其他的储存介质，比如磁带，不能保存很久，原因是它们会随着时间的有损耗。这对于生命科学来说是一个大问题，由于基因信息的解读导致了信息爆炸。

但是解决方案也许也就来自这个问题的罪魁祸首——DNA。科学家们能够解读生物样本中的 DNA 序列，同样，他们也能在 DNA 中“写入”信息。在实验室里，他们能够利用对应的核苷酸生产 DNA 序列，利用字母 A,G,T 与 C。所以你如果能够将信息加密到这几个字母里，理论上你也能够储存信息。

“我们才发现 DNA 只是一个储存信息的很持久的方法，因为我们能够将它从远古的长毛象里提取出来，尽管过了几万年，但是我们还是能够辨认它。”EMBL-欧洲生物信息学研究所（EMBL-EBI）的尼克·戈德曼（ Nick Goldman ）解释道。DNA 很小，很密致，同时存储也不需要耗能，运输与才、储存都很方便。

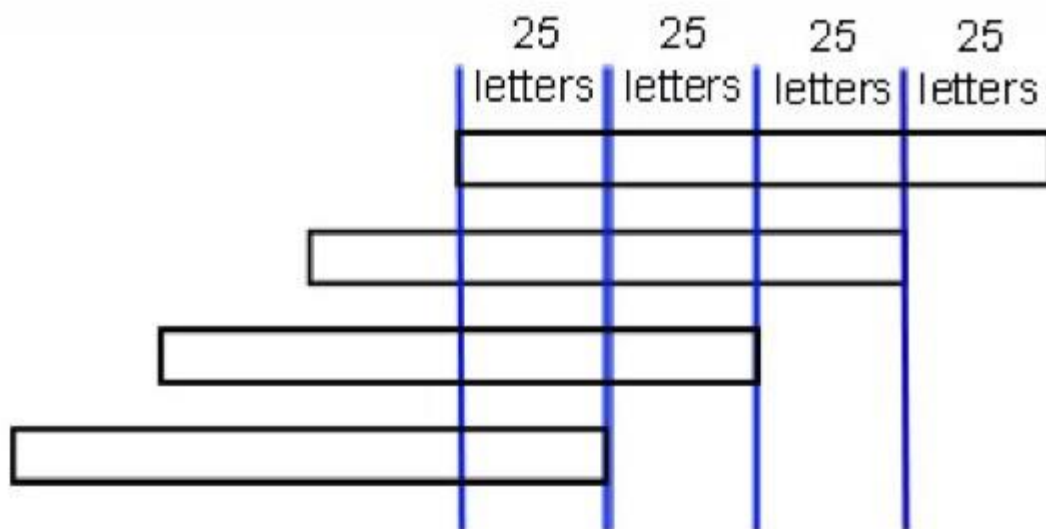
但问题在于，科学家现在只能生产短序列 DNA，同时在读取与写入是会产生错误，尤其是在某个字母（核苷酸）重复多次的时候。这就变成了一个数学问题，怎么样将数字文档变为 A, G, T 与 S 四个字母的组合序列同时，避免字母的重复，这样就能够极大地克服这一难题。

戈德曼和他的同事伊万·伯尼（Ewan Birney）已经有了这样一个方法。第一，他们用一个数学算法，叫 Huffman 编码把一个数字文档（二进制）转换为一个包含 0,1,和 2 的新序列。这个算法在这里显然太乏味了，但是对于计算机说是直截了当的。

Previous letter written	Next character to encode		
	0	1	2
A	C	G	T
C	G	T	A
G	T	A	C
T	A	C	G

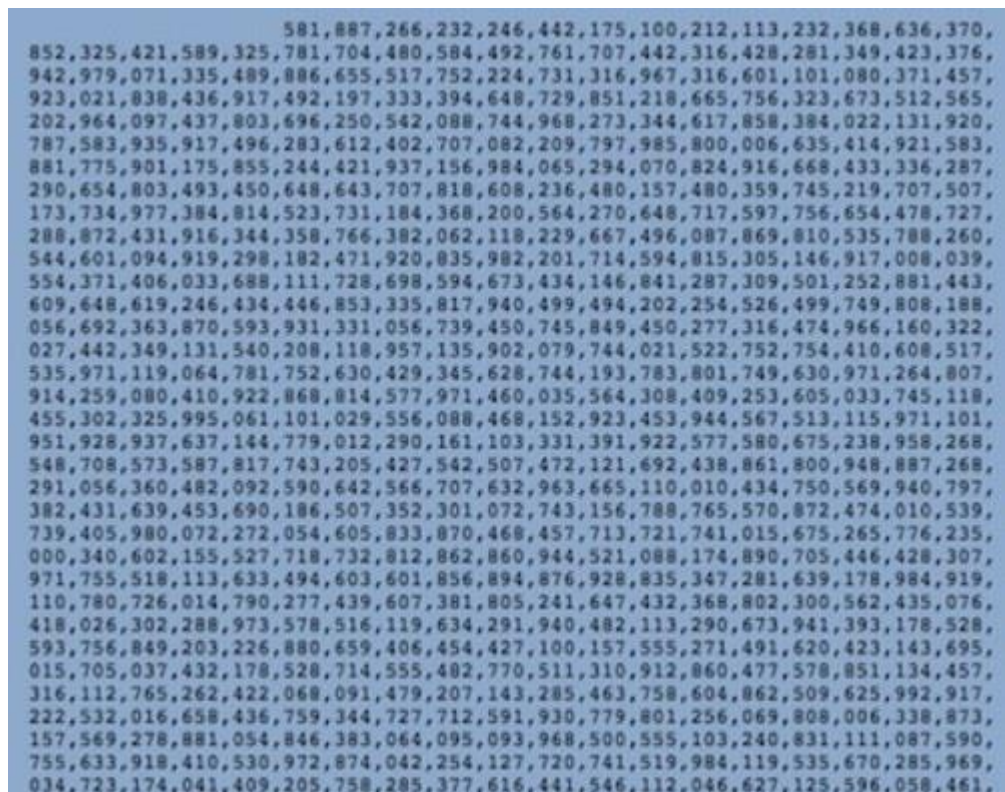
研究者然后将 0, 1, 2 的编码变为 A, G, T 与 C 的字符, 利用一个简单但是干净利落的方法。0, 1, 2 序列的第一个字母采用这个表格的第一行, 0 被变为 C, 1 被变为 G, 2 被变为 T, 第二个字母就可以根据表格上的内容算下去了, 比如你刚刚写下了 C, 如果你想写 0, 那么你就应该写下 G。这一个算法显然不会使一个字母重复。

戈德曼和伯尼然后将结果序列分为 100 个碎片, 每个碎片会与前面一个有 75 个碎片的交集。这表明所有 DNA 字母都在四个碎片中提到, “这样, 你需要四个不同的碎片都错误了, 这个情况十分少见”伯尼提到。每个碎片他们加上了一些 A, G, T 与 C, 从而告诉解码器怎么解码这些片段。再加上其他一些防止错误的措施, 这个信息就可以在实验室生成 DNA 了。



这个方法比较有效。戈德曼和伯尼转换了一个数字文档, 包含了莎翁全集, 马丁路德金的《我有一个梦想》, 得到看相应的 DNA 序列。当他们得到这些 DNA 时, 他们的解码器得到了 100%正确的序列。

3.美国数学教授发现已知的最大梅森素数



581,887,266,232,246,442,175,100,212,113,232,368,636,370,
852,325,421,589,325,781,704,480,584,492,761,707,442,316,428,281,349,423,376,
942,979,071,335,489,886,655,517,752,224,731,316,967,316,601,101,080,371,457,
923,021,838,436,917,492,197,333,394,648,729,851,218,665,756,323,673,512,565,
202,964,097,437,803,696,250,542,088,744,968,273,344,617,858,384,022,131,920,
787,583,935,917,496,283,612,402,707,082,209,797,985,800,006,635,414,921,583,
881,775,901,175,855,244,421,937,156,984,065,294,070,824,916,668,433,336,287,
290,654,803,493,450,648,643,707,818,608,236,480,157,480,359,745,219,707,507,
173,734,977,384,814,523,731,184,368,200,564,270,648,717,597,756,654,478,727,
288,872,431,916,344,358,766,382,062,118,229,667,496,087,869,810,535,788,260,
544,601,094,919,298,182,471,920,835,982,201,714,594,815,305,146,917,008,039,
554,371,406,033,688,111,728,698,594,673,434,146,841,287,309,501,252,881,443,
609,648,619,246,434,446,853,335,817,940,499,494,202,254,526,499,749,808,188,
056,692,363,870,593,931,331,056,739,450,745,849,450,277,316,474,966,160,322,
027,442,349,131,540,208,118,957,135,902,079,744,021,522,752,754,410,608,517,
535,971,119,064,781,752,630,429,345,628,744,193,783,801,749,630,971,264,807,
914,259,080,410,922,868,814,577,971,460,035,564,308,409,253,605,033,745,118,
455,302,325,995,061,101,029,556,088,468,152,923,453,944,567,513,115,971,101,
951,928,937,637,144,779,012,290,161,103,331,391,922,577,580,675,238,958,268,
548,708,573,587,817,743,205,427,542,507,472,121,692,438,861,800,948,887,268,
291,056,360,482,092,590,642,566,707,632,963,665,110,010,434,750,569,940,797,
382,431,639,453,690,186,507,352,301,072,743,156,788,765,570,872,474,010,539,
739,405,980,072,272,054,605,833,870,468,457,713,721,741,015,675,265,776,235,
000,340,602,155,527,718,732,812,862,860,944,521,088,174,890,705,446,428,307,
971,755,518,113,633,494,603,601,856,894,876,928,835,347,281,639,178,984,919,
110,780,726,014,790,277,439,607,381,805,241,647,432,368,802,300,562,435,076,
418,026,302,288,973,578,516,119,634,291,940,482,113,290,673,941,393,178,528,
593,756,849,203,226,880,659,406,454,427,100,157,555,271,491,620,423,143,695,
015,705,037,432,178,528,714,555,482,770,511,310,912,860,477,578,851,134,457,
316,112,765,262,422,068,091,479,207,143,285,463,758,604,862,509,625,992,917,
222,532,016,658,436,759,344,727,712,591,930,779,801,256,069,808,006,338,873,
157,569,278,881,054,846,383,064,095,093,968,500,555,103,240,831,111,087,590,
755,633,918,410,530,972,874,042,254,127,720,741,519,984,119,535,670,285,969,
034,723,174,041,409,205,758,285,377,616,441,546,112,046,627,125,596,058,461,

<http://www.isthe.com/chongo/tech/math/digit/m57885161/prime-c.html>

据英国《新科学家》杂志网站报道，美国中央密苏里大学数学教授柯蒂斯·库珀(Curtis Cooper)领导的研究小组于1月25日发现了已知的最大梅森素数—— $2^{57885161}-1$ (即2的57885161次方减1);该素数有17425170位，如果用普通字号将它连续打印下来，它的长度可超过65公里！

素数又称质数，是在大于1的整数中只能被1和其自身整除的数(如2、3、5、7、11等等)。2300年前，古希腊数学家欧几里德就已证明素数有无穷多个，并提出一些素数可写成“ 2^P-1 ”(其中指数P也是素数)的形式。这种特殊形式的素数，具有独特的性质和无穷的魅力，千百年来一直吸引着众多的数学家(包括数学大师费马、笛卡尔、莱布尼兹、哥德巴赫、欧拉、高斯、哈代、图灵等)和无数业余数学爱好者对它进行探究。其中17世纪法国数学家、法兰西科学院奠基人马林·梅森是其中成果较为卓著的一位，因此数学界将“ 2^P-1 ”型的素数称为“梅森素数”。迄今为止，人们仅发现48个梅森素数。由于这种素数稀奇而迷人，故被人们称为“数海明珠”。

梅森素数貌似简单，但当指数P值较大时，其探究难度就会很大。例如：1772年，有“数学英雄”美名的瑞士数学大师欧拉在双目失明的情况下，靠心算证明了 $2^{31}-1$ (即2147483647)是第8个梅森素数。这个具有10位的素数，堪称当时世界上已知的最大素数。在“手算笔录”的年代，人们仅找到12个梅森素数。而计算机的诞生和网络技术的出现，加速了梅森素数探究的进程。1996年初，美国数学家、程序设计师乔治·沃特曼编制了一个梅森素数计算程序，并把它放在网页上供全球数学家和业余数学爱好者免费使用。它就是举世闻名的GIMPS项目。

为了激励人们寻找梅森素数和促进网络技术发展，总部设在美国的电子新领域基金会（EFF）于 1999 年设立了专项奖金悬赏参与 GIMPS 项目的梅森素数发现者。它规定向第一个找到超过 100 万位数的个人或机构颁发 5 万美元。后面的奖金依次为：超过 1000 万位数，10 万美元；超过 1 亿位数，15 万美元；超过 10 亿位数，25 万美元。不过，绝大多数人参与该项目并不是为了金钱，而是出于好奇心、求知欲和荣誉感。

迄今为止，人们通过 GIMPS 项目找到了 14 个梅森素数，其发现者来自美国、英国、法国、德国、挪威和加拿大。而库珀领导的研究小组通过该项目已发现 3 个梅森素数，为中央密苏里大学争得了荣誉。目前，世界上有 180 多个国家和地区近 27 万人参加这一国际合作项目，并动用超过 73 万台计算机联网来寻找新的梅森素数。

值得一提的是，人们在寻找梅森素数的同时，对其重要性质——分布规律的研究也一直在进行着。英、法、德、美等国的数学家都曾分别给出过有关梅森素数分布的猜测，但都以近似表达式给出，与实际情况的接近程度均难如人意。中国数学家、语言学家周海中是这方面研究的领先者，他于 1992 年首次给出了梅森素数分布的精确表达式。这一成果后来被国际上命名为“周氏猜测”。

梅森素数在当代具有重大的理论意义和实用价值。它是发现已知最大素数的最有效途径，其探究推动了“数学皇后”——数论的研究，促进了计算技术、密码技术、网络技术、程序设计技术的发展。另外，梅森素数常用来测试计算机硬件运算是否正确。由于梅森素数的探究需要多种学科和技术的支持，所以许多科学家认为，梅森素数的研究成果，在一定程度上反映了一个国家的科技水平。英国顶尖科学家马科斯·索托伊甚至认为梅森素数的研究进展标志着科学发展的里程碑。

【物理】：

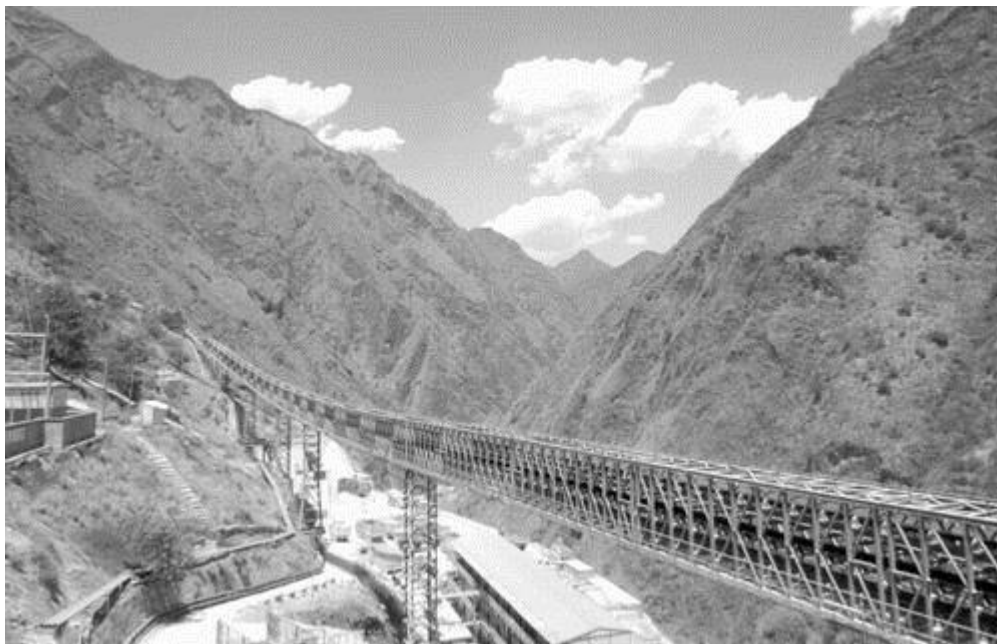
1.“电子晶体”的一种新形式

“电子晶体”（电子在其中表现为阴离子的离子晶体）的物理性质在很大程度上取决于阴离子电子约束腔的拓扑。因此，实现“电子晶体”实际应用的一个重要步骤是，发现具有独特拓扑的新约束空间。被约束的二维电子层以前曾通过人工制造通常由半导体材料构成的异质界面结构实现过。本文作者将演示这种行为的材料范围延伸到了一种“电子晶体”——氮化钙（Ca₂N）。这种化合物具有电子约束的理想性质：具有合适夹层间距的一个分层结构和允许松散结合的电子层在没有电子俘获的情况下存在的一个化学结构。通过为“电子晶体”提供一个新材料图像(material image)，这项研究应能导致一系列具有独特物理性质的二维“电子晶体”问世。

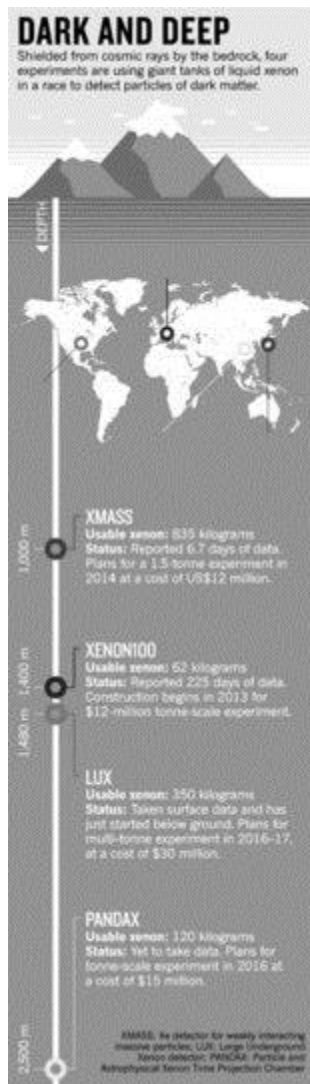


<http://www.nature.com/nature/journal/v494/n7437/full/nature11812.html>

2.国际社会关注中国开展最深暗物质试验——全球合作或已势在必行



PandaX 位于四川省锦屏山。图为移走碎石的输送带。



图片来源：WOLFGANG LORENZON

我们想要证明世界一流的暗物质研究在中国是可能的。

在地下 1000 多米处，物理学家正使用液氙设下陷阱来捕捉猎物：假想中的暗物质粒子——它们在穿越地球的过程中有极少数可能与普通物质发生作用。每个陷阱的建设需要 1000 万美元，然而该实验可以探测到宇宙中暗物质 85% 的组成部分，因此花费相对较少。不过，在地球上设置 4 个这样的陷阱真的有必要吗？

据《自然》杂志报道，近期，中国的 PandaX 实验加入到意大利、美国和日本的研究行列中。该实验拥有世界上最深的实验室，位于四川省锦屏山岩山体以下 2500 米处。PandaX 将于今年开始利用 120 千克液氙探测暗物质，研究团队希望可以在 2016 年将使用量提升至 1 吨，这意味着该实验将会比其他的暗物质研究进展更快。“我们想要证明世界一流的暗物质研究在中国是可能的。”PandaX 项目的发言人、上海交通大学物理学家季向东表示。

西方国家的暗物质研究人员为这项计划的目标感到兴奋，但有些人却质疑这将导致重复工作。“将我们的经费花在不同的直接检测实验上并不值得。”美国加利福尼亚州 SLAC 国家加速器实验室的天体物理学家 Stefan Funk 说。他承认他的观点较为偏颇——他通过在空中寻找可能的 γ 射线信号来间接探测暗物质。

多个液氙实验的出现反映了暗物质探测研究中的混战，以及各国争相解决物理学前沿问题的野心。对星系旋转和宇宙背景辐射的观测发现，宇宙中大约 85% 的物质之间都存在引力，但并不会辐射光。主要理论表明，这样的暗物质以弱作用大质量粒子（WIMPs）的形式存在。它们如果存在，会偶尔与普通物质的原子核相撞击，因此基本上会在一大池像液氙这样的原子致密材料中被探测到——当与原子核相撞时，该材料会产生光。

在地下进行该实验，是为了减少与 WIMPs 相仿的宇宙射线的干涉。至今，科学家还没有什么发现。位于意大利阿奎拉附近的实验 XENON100 取得了最多的进展，至今运行 225 天，并未探测到 WIMP 信号，排除了质量更大、相互作用更强的粒子存在的可能性。在未来几个月，XENON 合作组织会开始将液氙使用量提升至 1 吨多，其探测灵敏度将会提高 100 倍。

PandaX 项目是在中国国家自然科学基金委员会和科技部资助相关研究团队时产生的。该团队在经过 2 年的建设后，于 2011 年在锦屏山的地下设立了一个小型实验室。尽管季向东认为在中国中部进行实验存在很多挑战，但 PandaX 项目仍希望在今年年底能够以更轻的 WIMPs 来匹敌 XENON100 现在的灵敏度。日前，该团队刚刚由于液氮供应的延迟而导致不能进行冷却实验。但是由于 PandaX 比其他实验室的位置深 1000 米，它更容易屏蔽宇宙射线，这将使其更容易升级液氙使用量。

通过联合一些包括美国的高校在内的大学，中国在 PandaX 项目上拨款 1500 万美元，然而该研究团队仍希望有更多的国际合作伙伴。1 月，PandaX 向尚未与中国的基金会达成任何协议的美国能源部（DOE）申请合作，但遭到拒绝。而 DOE 正在资助 XENON 合作之外的一个研究团队：在南达科他州的霍姆斯特克金矿进行的大型地下氙（LUX）实验。

霍姆斯特克曾是一个大型地下实验室的候选场所。但是该实验室的资助者，美国国家科学基金会（NSF）于 2010 年放弃该想法，使 DOE 独自负责该实验室，并承担为防止矿山发生山洪而进行持续维护的全部花费。

芝加哥大学的物理学家 Juan Collar 称，LUX 可能是所有氙实验中最脆弱的一个。他正在进行一些小型实验来探测更轻的 WIMPs。“目前的资助情况很不好。”他说。DOE 已宣称计划将于 10 月减少资助大型暗物质实验室的数量，LUX 首当其冲。XENON100 是通过 NSF 获得资助的，因此将会在这个筛选过程中幸存。

LUX 发言人、罗德岛布朗大学的物理学家 Rick Gaitskell 称，美国需要自己的地下实验室来保持在暗物质研究领域的位置。他问道：“为什么我们要放弃领先地位而将所有的实验都移到海外呢？”

PandaX 很可能成为世界上最好的地下实验室，季向东称，合作是大势所趋。国际组织不可能同时资助两个以上的使用大型探测器的氙实验，他说，美国需要抉择放弃一些实验。同时，很多团队共同来促进该技术的想法并不坏。“这将有助于建立最终的暗物质实验。”

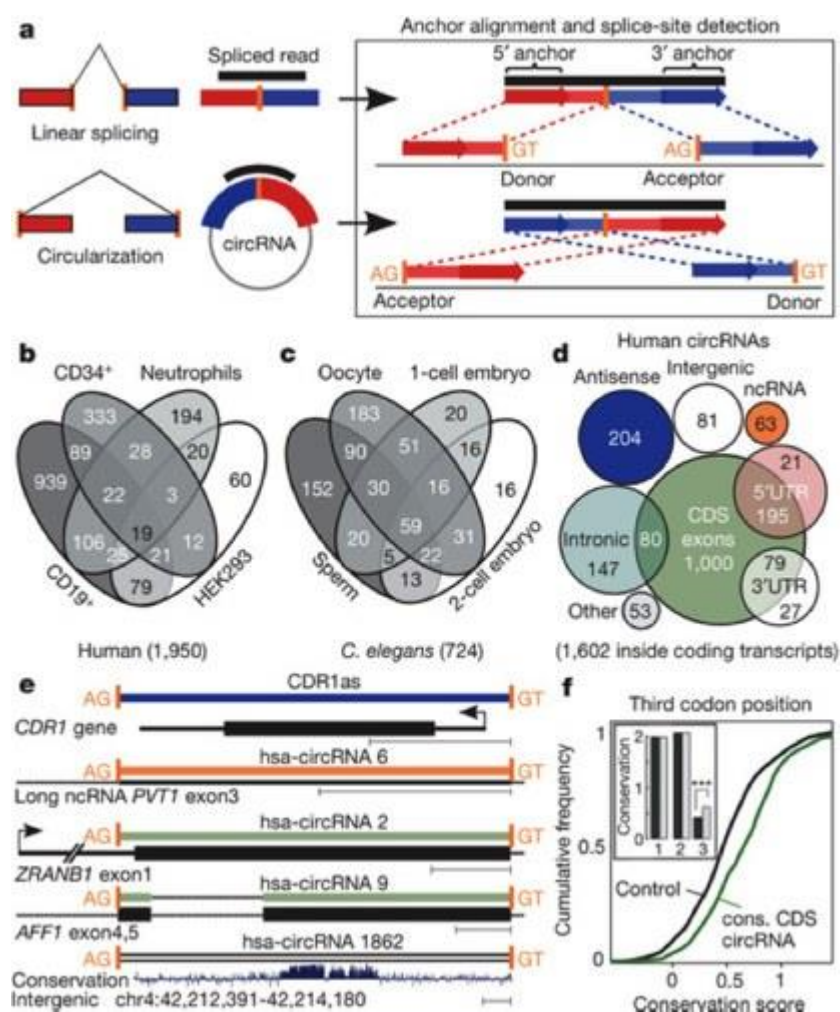
<http://news.sciencenet.cn/htmlnews/2013/2/274983.shtm>

【生命科学】：

1.有关环状 RNA 的最新发现

科学家们在装满古怪 RNA 的匣子中看到最新的玩意：天然生成的环状 RNA 分子影响了基因表达。

在 2 月 27 日的《自然》（Nature）杂志上，两篇重要的研究论文揭示出一些环状 RNA 充当分子“海绵”，结合并封闭了称作 microRNAs 的微小基因调控子。此外，研究人员推测环状 RNAs 还具有许多其他的功能。其中一篇 Nature 文章的主要作者、德国 Max Delbrück 分子医学中心系统生物学家 Nikolaus Rajewsky 说，这些分子构成了一个“隐秘的未知 RNAs 平行宇宙”。



这一发现再次提醒人们：RNA 并不仅仅是 DNA 与编码蛋白之间的一个平凡信使。在过去的 20 年里，研究人员发现了大量的非常规 RNA。一些长度意想不到的短，一些则长到令人感到惊讶，而另一些则颠覆常规具有阻止其他 RNA 链翻译形成蛋白质的功能。几乎所有的 RNA 都是线性的，为数不多的关于植物和动物中的环状 RNAs 的记述，也被当做遗传意外或实验人为因素而遭到忽视。

实际上，线性 RNAs 的优势有可能一直是假象。经典的 RNA 测序方法只能分离具有特征性分子“尾巴”的那些分子。环状 RNAs 的末端连接在一起，缺乏这些尾巴，因此被普遍忽略掉。

然而随着测序技术的进步，使得生物学家们累积了大量的 RNA 序列数据集，其中一些来自无尾巴的 RNA。去年，斯坦福大学医学院的分子生物学家 Julia Salzman 和同事们送出了

来自这一环状宇宙的第一份信函。他们报道称在寻找用传统方法可能忽视的 RNA 过程中，发现了过量的环状人类 RNAs。当 Rajewsky 和同事们挖掘环状 RNA 分子的数据库时，他们在线虫、小鼠和人类中发现了成千上万的环状 RNAs。

Sontheimer 说：“这是另一个极好的例子，表明一种重要的 RNA 在雷达下飞行。”

丹麦奥胡斯大学的 Thomas Hansen 和 Jorgen Kjems 领导的另一个独立研究小组完成了第二篇 Nature 论文研究。这两篇论文都将焦点放在了由大约 1500 个核苷酸构成的一个环状大 RNA 上，它表达于小鼠和人类的大脑中。研究人员发现它包含了 70 个 miR-7 的结合位点。MicroRNAs 是一些通过结合和阻止 mRNA 翻译阻断基因表达的短片段 RNA。一直以来人们知道，MiR-7 的靶标与癌症和帕金森氏病存在着关联。

Hansen 研究小组发现这一环状 RNA 的表达阻断了 miR-7。它使得 miR-7 活性受到抑制，miR-7 靶基因表达增高，研究人员推测这是因为这一 RNA 环捕获和失活了 miR-7。Rajewsky 研究小组证实，在斑马鱼中表达这一环状 RNA 或敲除 miR-7 可以改变大脑发育。

Rajewsky 说，环状 RNAs 也可能是细胞外 microRNA 的海绵。一些有可能具有病毒 microRNAs 的结合位点，从而破坏了免疫应答。Rajewsky 猜测，环状 RNA 可能甚至与 RNA 结合蛋白发挥了互作。Salzman 表示同意：“它们数量如此的丰富，可能扮演了多种功能角色。”

那么 RNAs 是否还有其他的形状？“我不认为我们可能错过了其他的形式。但你知道总会有人找到它，”剑桥麻省理工学院分子生物学家 Phillip Sharp 笑着说。



[doi:10.1038/nature11928](https://doi.org/10.1038/nature11928)

[doi:10.1038/nature11993](https://doi.org/10.1038/nature11993)

2.我校科研成果有望造福淋巴瘤和白血病等患者

发酵条件优化和合成途径优化，产生链黑菌素的类似物或中间体。“活性提高，毒性却大幅降低，这为链黑菌素药物的二次开发提供了新的机会。”

首次利用基因技术实现链黑菌素类药物的合成

基因组测序技术的迅猛发展为人们提供了巨大的基因资源库，为生物合成机制的研究提供了更多的信息。以抗生素的主要产生菌链霉菌为例，单个菌株至少具有 25-30 种，甚至更多的次生代谢产物生物合成基因簇，然而基于目前实验室条件下，所得的化合物种类却少很多。这说明，在已分离的微生物资源中，由于受到培养条件制约而导致化合物产生受抑，或者基因簇自身就是沉默的，需要特定的调控因子和外界环境因子的诱导。基因组的挖掘技术 Genome mining 为人们找到更多的天然产物提供了可能。

林双君研究员带领研究小组首先克隆了这个潜在的抗生素基因簇，确定了其中的关键基因与链黑菌素生物合成的直接关系，并最终定位出链黑菌素的生物合成是由 48 个独立基因编码的。

之后，林双君又带领课题小组综合利用微生物遗传学、化学及生物化学技术和手段，获得了其中 17 个基因的突变菌株，从中分离鉴定了 12 个与链黑菌素生物合成相关的化合物的化学结构，最终合理地提出了链黑菌素生物的合成途径的模型。在这一过程中，多个新颖或关键的酶催化反应的分子生物学机制也被揭示。该项研究为抗生素药物新颖酶催化反应基因的挖掘，并利用合成生物学等前沿生物技术创造新的结构衍生物奠定了工作基础。

林双君研究员提到，这是首次在基因水平实现链黑菌素的生物合成途径的解析。化学家们也在致力于链黑菌素及其衍生物的合成，希望能够找到应用于临床的新药。目前，已有化学家通过化学合成的方法合成出链黑菌素类似物。与化学合成的方法不同，基因工程技术的好处在于，一方面，它可以通过操作基因来优化和改造代谢途径，使得到的类似物可能符合临床应用的要求，同时可以针对某一特定的化合物提高其产量，从而实现成本的降低，并且减少环境污染；另一方面，它可以挖掘新的生物化学反应，对揭示自然界的生化现象和规律，发现有价值的酶学反应，具有重要的意义。

有望造福淋巴瘤和白血病等癌症患者

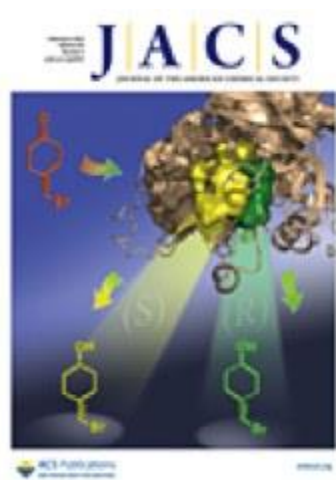
林双君研究员课题小组通过基因工程技术所获得的一个链黑菌素类似物，不仅在抗癌活性上比目前临床使用的抗癌药物依托泊苷和替尼泊苷高很多，而且在毒性上比原始的链黑菌素降低了约 5 倍。因此，这个类似物在临床应用方面，对治疗淋巴瘤、白血病、鼻炎癌等疾病将有更大的优势。

对药物来说，疗效是重要的一方面，但是药价是我们老百姓所更关心的。据介绍，目前，链黑菌素标准品的价格非常昂贵，1 毫克化合物需要约 900 元人民币，而它的类似物要 4000 元人民币。很明显，这个价钱，对一般普通家庭来说，是一个很大负担。

要降低老百姓的用药成本，那么一个可行的办法就是提高产量，所以林双君研究员提出通过基因工程手段来实现产量提高。以前，这个有前景的类似物是由另一株链霉菌产生的，并且产量极低。然而，他们的研究成果目前可以达到约 200 毫克/升发酵液。这个产量比其原始产生菌要高出几 10 倍，但远没有达到林双君研究员的目标。

林双君研究员给自己制定了“两步走”的目标：一是继续扎根基础研究，通过分子遗传学操作和蛋白功能重建，解析链黑菌素形成的酶学机理，同时获得更多的链黑菌素类似物。二是预计在两到三年内，使这个链黑菌素类似物产量提高到 1 克/升或以上。

“到那时，就可以进入中试阶段，工业化规模化生产也就有了可能。”林双君研究员表示，现在美国加州一家药业公司，已和他取得联系，表达了合作开发的意向。提出只要将产量提高到可规模化生产，那么就可以通过抗体药物偶联方法将链黑菌素或类似物转化为一个新型的抗癌药物，这不仅极大提高化疗有效性，同时减少化疗时产生的毒副作用。“链黑菌素生物合成基因簇的获得及合成途径的解析将为链黑菌素的开发提供有很大的潜力和空间。相信在不久的将来，它将对临床医学产生重要影响，也将对抗癌药物结构和价格方面产生重要影响。”



DOI: [10.1021/ja3069243](https://doi.org/10.1021/ja3069243)

【计算机科学】：

1. SODA 13 论文介绍

2013 年 ACM-SIAM [Symposium on Discrete Algorithms](#) 于 1 月召开，本期《致远人刊》将为大家介绍本次 SODA 会议的两篇获得 Best Paper Awards 的论文。

A Simple Algorithm for the Graph Minor Decomposition

- Logic meets Structural Graph Theory-

从 1983 年到 2004 年，Neil Robertson 和 Paul Seymour 在一系列共 20 篇论文中完成了他们关于 Graph Minor 的理论（抱歉这一理论找不到合适的翻译方式，只能用原文了——译者注），其中一个重要的定理是除了包含某特定的图作为其 minor 的这一类图以外，所有的图都有一个树分解并几乎可以嵌入到一个特定的表面中。Graph Minor 理论的许多应用都需要这一定理的算法版本，然而已知的所有算法都依赖对这一理论的长而复杂的证明。

在这篇论文中，作者给出了一个简单的二次多项式时间复杂度的算法，可以完成对 Graph Minor 分解的计算，在此之前最好的算法是三次多项式时间复杂度的算法并且那要复杂的多。

这一算法结合了逻辑和结构图论中的技巧，更精确地说，Courcelle 定理的一个变种说明一元二阶逻辑公式可以在线性时间复杂度内被一个树宽度有限的图描述，这就是 Robertson 和 Seymour 称为的弱结构定理。

Dynamic graph connectivity in polylogarithmic worst case time

动态图连通问题的描述如下：给定 n 个点，有两种操作，一种是在某两点之间连一条边或删除一条边，另一种是询问某两个点是否连通。在此之前没有一个数据结构能在最坏情况下时间完成每个操作。

在这篇论文中，作者给出了一个数据结构和算法，能在时间内完成一次加边操作，时间内完成一次删边操作，的时间内回答一次询问。如果查询的答案是是，那么这次回答一定会给出正确的答案，如果查询的答案是否，那么这次回答也有很大概率会给出正确的答案。这个数据结构基于一个简单而新奇的想法，可以用来快速判定一条边是否属于某个割集。

二. 交大通

【科技创新】

1.生命学院科研实验室向你开放



时间：2013-03-15 13:30---16:30

地点：生物药学院 8 号楼 1 楼（大厅）

生命科学学院将向同学们开放以下实验室，欢迎同学们体验真实的实验乐趣。

1)微生物代谢国家重点实验室

网址：<http://skmml.sjtu.edu.cn/>

2)Bio-X 闵行校区大红楼

遗传资源保护网”等课题。设有“SJTU-BioX 合成基因机器创新科技工作室”。

网址: <http://www.bio-x.cn/>

3)植物发育生物学与生物安全实验室

网址: <http://zhanglab.sjtu.edu.cn>

4)生物信息学与生物统计学系实验室

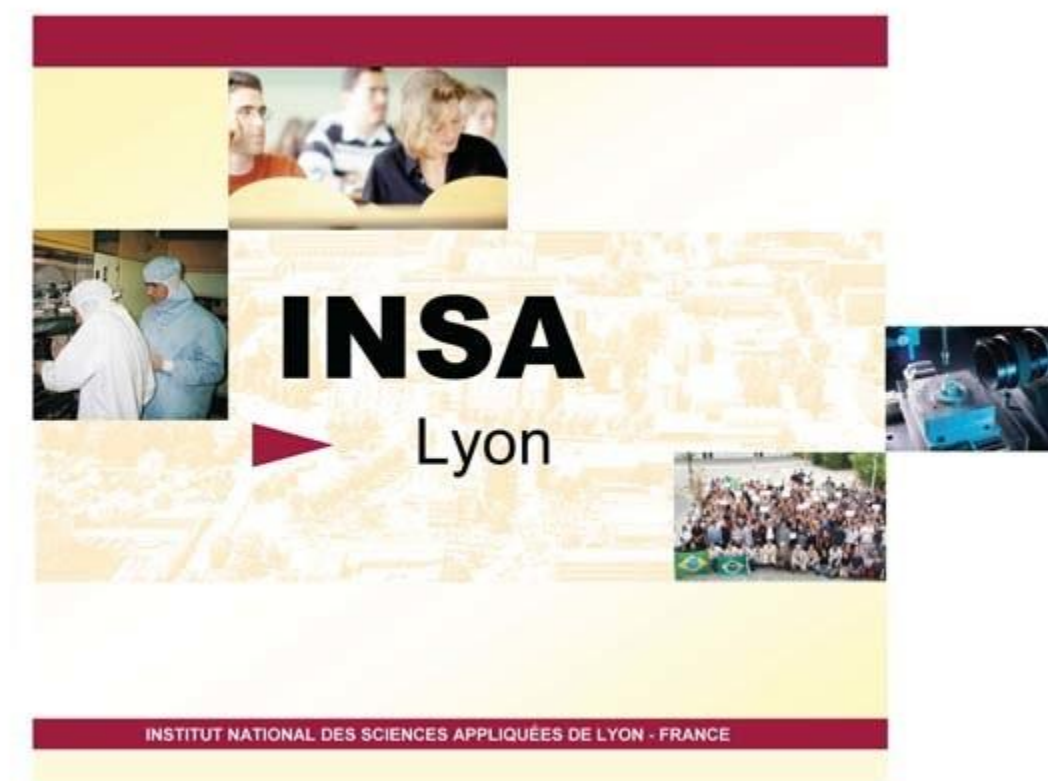
网址: <http://cbb.sjtu.edu.cn/>

报名地址: <http://tongqu.me/act2/1375>

如有其他问题请咨询 生命学院学生办 王冲老师, 联系方式:
34204181 chongtian@sjtu.edu.cn

【海外交流】

1.法国 INSA LYON 大学与上海交通大学 2013 年暑期交流项目宣 讲会



时间: 2013-03-13 13:00---14:00

地点: 电院 3-208

法国 INSA LYON 大学与上海交通大学 2013 年暑期交流项目：工程与创新中的欧洲视角。

内容：

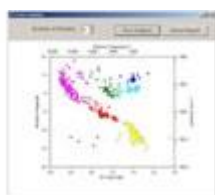
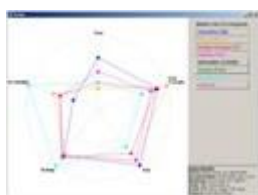
- 1、负责教师介绍 INSALYON 学校概况以及项目的具体情况
- 2、3 位参加过这个项目的交大同学讲述他们的心得
- 3、该校前来交大交换的国际友人介绍该校学习生活
- 4、提问

欢迎大家参加！

详细信息：<http://tongqu.me/act2/1373>

【学术讲座】

1.On the efficient numerical processing of the initial value problems



时间：2013-03-11 14:50-15:40

地点：数学楼中报告厅

报告人：Prof. Romulus Militaru

报告摘要：（人人报告一下摘要存在非常内容无法发布。。。敬请谅解。。。什么时候，人人也能看懂英文了？）

2.About symmetries and conservation laws in k-symplectic geometry

时间：2013-03-11 14:00-14:50

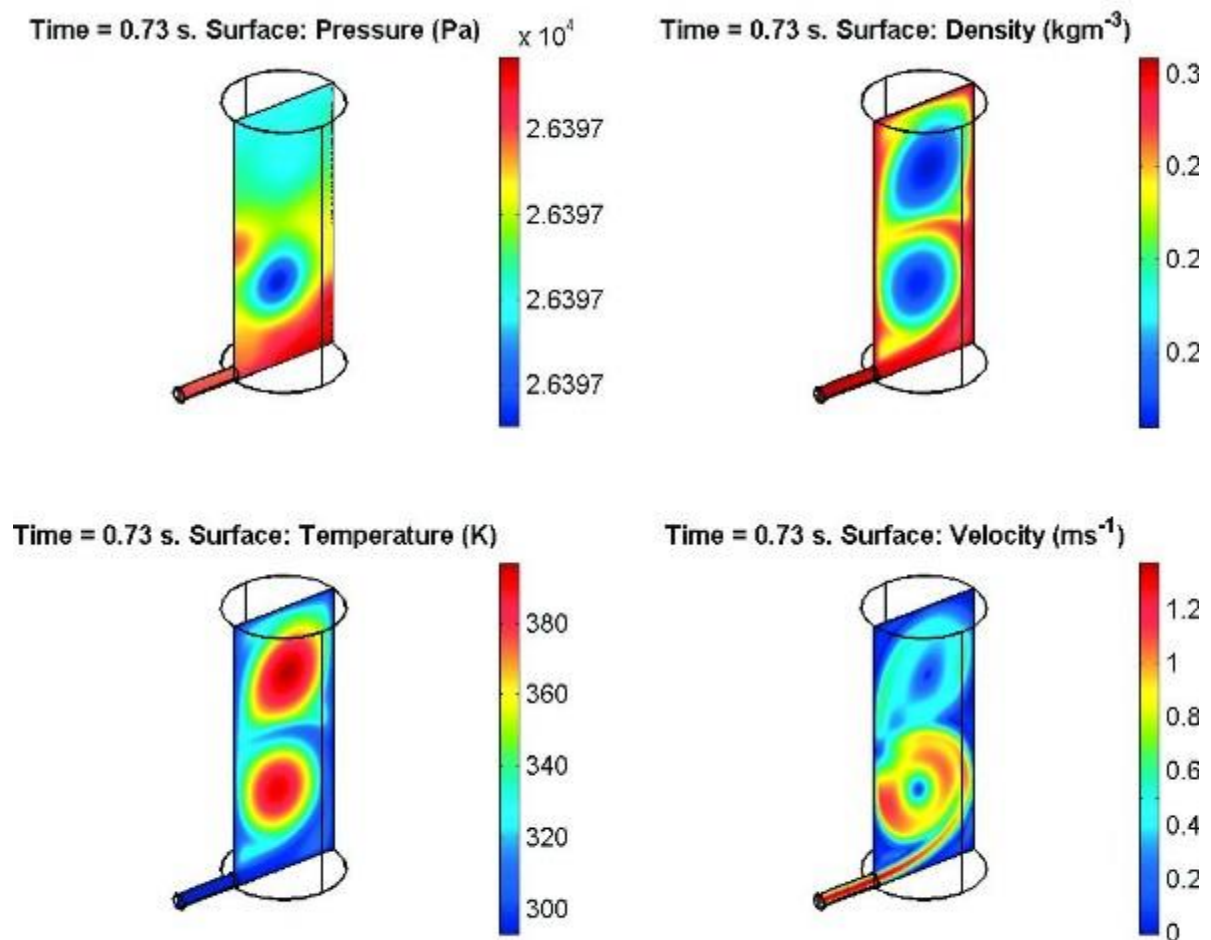
地点：数学楼中报告厅

报告人：Prof. Florian Munteanu

报告摘要：

First, we will present the basic geometric framework of the study of dynamical Hamiltonian systems on symplectic manifolds and we will talk about symmetries , Noether type theorems. Second, we will extend the study from Classical Mechanics to the first-order classical field theories, both for the Lagrangian and Hamiltonian k-symplectic formalisms. Particularly, we will obtain new kinds of conservation laws for k-symplectic Hamiltonian systems and k-symplectic Lagrangian systems, without the help of a Noether type theorem, only using symmetries and pseudosymmetries.

3.PDE seminar

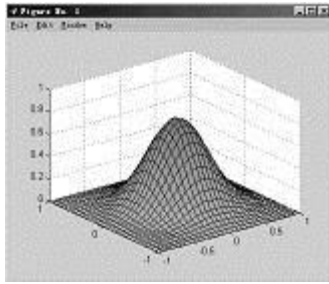


时间: 2013-03-11 15:00-17:00

地点: 数学楼 1106 室

报告人: 王立河, 李从明

4.抛物偏微分方程解的水平集的凸性



时间：2013-03-11 16:00 — 17:00

地点：数学楼 中报告厅

报告人：麻希南教授

报告摘要：

在这个报告中，我将介绍与 **Salani**，陈传强的一个合作工作。我们首先建立一个抛物方程解的时空水平集的半正定第二基本形式的常秩定理，然后证明一类抛物初边值问题解的水平集的时空凸性。