

## DNS számítási modellek

### Absztrakt

Az utóbbi évtizedekben a genetikai ismeretek rendkívül gyors ütemben bővültek és ez a folyamat napjainkban is tart. Sokan korunkat a DNS korának tekintik.

1944-ben ismerték fel a DNS-nek az átöröklésben betöltött szerepét.

1953-ban James Watson és Francis Crick a DNS kettős-hélix szerkezetét ismerték fel. A DNS (deziribonukleinsav rövidítése) óriásmolekula két egymással szemben elhelyezkedő láncból áll, amelyek lefutásának iránya egymással ellentétes, de alapszerkezetük azonos. A láncok négy különböző alapegység, az úgynevezett nukleotidok egymáshoz kapcsolódásával épülnek fel. A nukleotidokat kémiai nevük kezdőbetűivel, A (=adenilsav), C (=citidilsav), G (=guanilsav), T (=timidilsav) jelölik. A négy elem egymásra következése szabálytalan. Egy DNS lánc így egy négybetűs ábécé feletti szóznak tekinthető. A kettős-hélix szerkezet sajátossága, hogy a két DNS lánc egymást kiegészítő és meghatározó szerkezetű. Az A nukleotiddal szemben a T nukleotid, a G-vel szemben a C nukleotid helyezkedik el. A molekuláris biológia jelentős állomása az olyan enzimek felfedezése, amelyek segítségével a DNS molekulák jóldefiniált, kisebb darabokra vághatóak.

Ez a felismerés tette lehetővé a génszövet kialakulását. A szétvágott molekulák újra össze is kapcsolhatóak, és az összekapcsolódásnak nem kell szükségképpen ugyanott és ugyanúgy történnie, mint a vágásnak.

Másik fontos eredmény a 70-es években a DNS mesterséges kémiai szintézise.

1985-ben a PCR-módszer vált ismertté, amely segítségével egy adott DNS-szakasz példányszámát a többszörösére lehet növelni néhány óra alatt.

A DNS molekulák tulajdonságai és a DNS láncokon végezhető manipulációs lehetőségek (pl. vágás, illesztés, összekapcsolás, beszúrás, törlés, rekombináció) megismerése indította el a DNS számítás formális nyelvi modelljeinek megjelenését. Lényeges kérdés, hogy megvalósítható-e a gyakorlatban a formális DNS számítási modellekben adott probléma megoldása és ha igen, akkor hogyan.

1994-ben Leonard Adleman a Hamilton-út keresésének feladatát (NP-teljes probléma) DNS molekulák felhasználásával oldotta meg. Ezt követően intenzív kutatás kezdődött arra vonatkozóan, hogy a formális nyelveket le lehet-e írni olyan nyelvtanok segítségével, amelyek a nyelv szavainak képzésében a DNS láncok tulajdonságát utánozzák. Különböző kifejező erejű formális modellek ismertek aszerint, hogy a DNS láncokon milyen műveletek végezhetőek el. Vannak modellek, amelyek leíró ereje a Turing-géppel egyenlő. Ezek az eredmények és a molekuláris biológia gyors fejlődése felveti a lehetőségét a DNS számítás alapú számítógépeknek. Ez a kihívás is indokoltá teszi a DNS számítási modellek vizsgálatát.

Az előadás keretében néhány ismert DNS számítási modell, a sticker rendszer, a Watson-Crick automata, a beszúró-töltő rendszer, a splicing rendszer, a H-rendszer kerül ismertetésére.

***Irodalom:***

G. Paun, G. Rozenberg, A. Salomaa: DNA Computing  
(New Computing Paradigms), Springer, 2005.

Martyn Amos: Theoretical and Experimental DNA Computation  
(Natural Computing Series), Springer, 2005.

N. Jonoska, G. Paun, G. Rozenberg: Aspects of Molecular Computing  
(LNCS 2950), Springer, 2004.

C. Calude, G. Paun, Computing with Cells and Atoms  
Taylor & Francis, 2001.