



Abteilung Theoretische Informatik

DNA - Computing

Biologische Makromoleküle lassen sich als Informationsspeicher in einer neuen Art von Computer einsetzen. Molekularbiologische und biochemische Reaktionen wie Hybridisierung und Enzymreaktionen werden zur Lösung von algorithmischen Problemen verwendet. In dem Ulmer Projekt sollen DNA-Moleküle zum Rechnen auf einer adressierbaren Chipoberfläche fixiert werden.

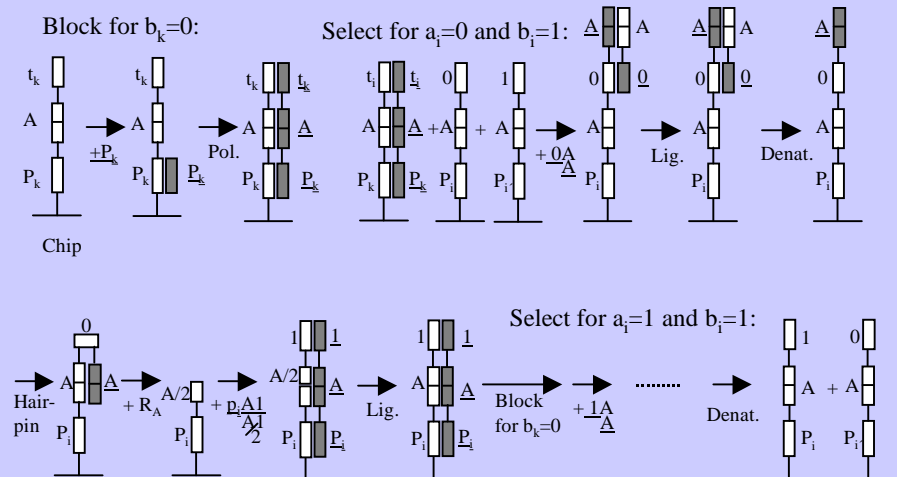
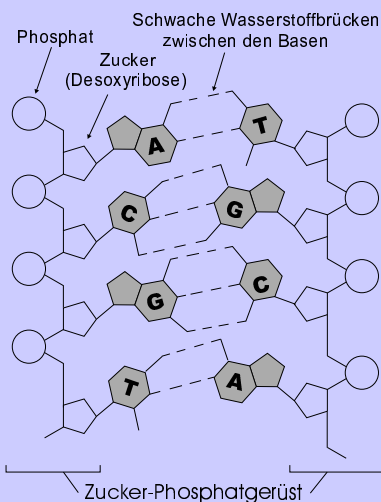
Zahlendarstellung

Jedes Bit einer Zahl wird durch eine Anzahl von DNA-Molekülen repräsentiert, die auf der Chipoberfläche fixiert werden. Die DNA-Sequenz besteht aus drei Teilen. Die Sequenz p_k ist spezifisch für das k -te Bit. Die Sequenz A ist die Erkennungssequenz eines Restriktions-Enzyms R_A . Die DNA kann an dieser Stelle geschnitten werden. Die Sequenz t_k ist die Sequenz für eine 0 oder die Sequenz für eine 1 und gibt an, ob das k -te Bit der Zahl 0 oder 1 ist. Die Berechnung der Carrybits erfolgt mit einer Methode, die von Adleman für das Hamiltonsche Pfadproblem verwendet wurde.

Der Additionsalgorithmus

verwendet die *carry look ahead* Methode. Diese wird durch die Basisoperationen: Lesen der Zahl; Selektiere die Bits einer Indexmenge I ; Setze die selektierten Bits (auf 0 oder 1); Flippe den Wert der selektierten Bits, durchgeführt. Die Operationen werden durch eine kleine Anzahl von Reaktionen auf DNA-Molekülen realisiert: DNA-Moleküle mit revers komplementären Sequenzen hybridisieren. Dadurch kann eine DNA-Sequenz verlängert werden (durch Polymerase und Ligation) und geschnitten werden (durch Restriktionsenzyme).

Die DNA als Rechenwerk



Literaturhinweis: H.Hug,R.Schuler: DNA-based parallel computation of simple arithmetic. Proceedings 7th Intern. Meeting on DNA-based computers, 2001.