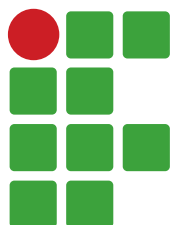


Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Brasília  
Campus Taguatinga

Raul Bruno Santos Lima

Linha de Pesquisa: Análise de Algoritmos e Complexidade de Computação

# **Revisão Sistemática sobre Computação por DNA aplicada a problemas NP-Completo**



**INSTITUTO FEDERAL**

Brasília

Campus Taguatinga

Brasília, DF

2022

Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Brasília  
Campus Taguatinga

Raul Bruno Santos Lima

Área de Pesquisa: Análise de Algoritmos e Complexidade de Computação

## **Revisão Sistemática sobre Computação por DNA aplicada a problemas NP-Completo**

Documento apresentado como requisito parcial para matrícula na disciplina de Projeto de Conclusão de Curso do curso superior de Bacharelado em Ciência da Computação

Orientador: Daniel Saad Nunes

Coorientador: Dhiego Loiola de Araújo

Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Brasília – Campus Taguatinga

Curso Superior de Bacharelado em Ciência da Computação

Brasília, DF

2022

## Introdução

Seja o DNA uma forma de armazenar informações genéticas complexas, a qual foi proposto inicialmente pelos Gregos Antigos, que acreditavam na existencia da passagem de aspectos para proximas gerações. Depois deles o ciêntista Mendel acreditava que os parentes podiam contribuir com o material genetico de um outro indivíduo, contudo com a descoberta dos chromosomes, descobriu que este continha proteina e o ácido dex soxirribonucleico<sup>1</sup>, porém somente nos anos 50 foi aceita a ideia que o DNA contém o código genético, sendo estudando sua estrutura para decifrar(GIBBONS; AMOS; HODGSON, 1997) posteriormente.

Dessa forma, ele é constituído por cadeias de polímeros que contêm cadeias de nucleotídeos, que são compostos por um número de bases nitrogenadas e segue uma extrutura de ligação(GIBBONS; AMOS; HODGSON, 1997).

Por consequência, essa extrutura possui alguamas propriedades de operações básicas: síntese, desnaturar, ligar e separar filamentos. Também existe técnicas de manipulação como Electroforese em gel e a utilização do PCR<sup>2</sup>.

A partir disso, alguns pesquisadores pensaram que era possível utilizar as cadeias de DNA para criar um micro computador que apresentasse uma performance melhor que a de um computador tradicional usando o DNA(CONRAD, 1985).

Por conseguinte, uma primeira proposta de solução para o problema, foi de elaboração de um microcomputador que porderia ser manipulado por uma molécula, a qual foi proposta por Richar Feynman, em sua palestra "*There's Plenty of Room at the Bottom*", a qual relatou que as células além de serem em menor escala, podem armazenas informações em seu interior(FEYNMAN, 1992).

Após isso, Charles Bennett em 1982, propos o conceito baseado no movimento Browniano, sendo este definido pela reação, efetivação do estado de transição e suspensão de fluido, sendo desenvolvido o conceito de Máquina de Turing Browniana, que consistia em utilizar moléculas de RNA para realizar operações.

Igualmente, nos trabalhos realizados por Conrad e Liberman1982 introduziram a relação entre a física e a computação de processos, sendo descritos por processamento de palavras, cinemática informacional de processamentos; mudança de conformidade macromoléculas; distribuição de controle de menbrana e computação disfuncional.

Em outra pesquisa realizada pel Conrad, publicada em 1985, o artigo apresenta como poderia ser utilizadas as moléculas de forma que poderia substituir as moleculas também apresentou sobre a questão de eficiencia versus custo, na elaboração de um sistema que utilizar circuitos contra um que utiliza o DNA.

---

<sup>1</sup> DNA

<sup>2</sup> Reação em cadeia da polimerase

Contudo, somente em 1994([FILHO, 2004](#)), foi possível testar a possibilidade de um computador por DNA, por meio de um experimento realizado pelo pesquisador [ADLEMAN](#), a qual resolveu um problema NP-Completo, que seria um Problema de tempo polinomial chamado Problema do Caminho Hamiltoniano que consistia em encontrar um caminho hamiltoniano em um grafo, para resolução foi usado a força-bruta. Por fim, dando início a era da Computação por DNA.

## Justificativa

Em teoria da computabilidade é apresentada o formalismo matemáticos e os problemas algorítmicos solúveis, sendo definido problemas como objetos matemáticos que têm interesse próprios. Dessa forma, para a resolução deve-se pensar em quais são os dados, quais são os possíveis resultados e se a resolução satisfazer, ou uma declaração de quais propriedades a resposta ou solução deve satisfazer([LEAL, 2002](#)).

Assim sendo, eles podem ser classificados conforme demonstrado no livro Teoria Computacional em Grafos em decisão, localização e otimização.

Os problemas algorítmicos de otimização são aqueles que consistem em encontrar uma solução máxima ou mínima, de decisão são aqueles que precisam escolher em determinada parte do problema entre sim e não e os problemas de localização são aqueles que consistem em encontrar uma estrutura K que atenda a determinada condição([SZWARCFITER; OLIVEIRA; PINTO](#)).

Sendo alguns problemas de otimização, decisão e procura catalogados pelo seu crescimento polinomiais, eles acabam sendo alocados no sub grupo NP-Completo e NP-Difícil, que estão contidos no grupo de algoritmos que são não determinísticos de tempo polinomial([LEAL, 2002](#)).

Por consequência, para encontrar um algoritmo que resolva com eficiência, é um desafio aos pesquisadores. Contudo, com a realização da aplicação de computação por DNA para resolução do problema do caminho hamiltoniano([ADLEMAN, 1994](#)), sendo possível encontrar uma possível solução para o problema NP-Completo, todavia foi usado uma semana para a realização dos procedimentos.

Mesmo com a demora para realizar o algoritmo, segundo a pesquisa caso realizado a execução usando o DNA, levaria meses para descobrir se o grafo tem caminho hamiltoniano, em comparação com os computadores eletrônicos no pior caso, a qual foi demonstrado as vantagens conforme demonstrado na Tese do [FILHO](#) (paralelismo, quantidade de informação em um pequeno espaço). Sendo assim este projeto pretende investigar o uso de computação por DNA ou computação Natural para a resolução de problemas NP-Completo.

## Objetivo

O presente trabalho têm como objetivo realizar uma revisão bibliográfica sistemática sobre o tema da aplicação de computação por DNA ou computação natural na resolução de problema não-decidíveis de tempo polinomial ou seja NP-Completo.

## Objetivo Especificos

- Analisar artigos publicados entre os anos de 1994 - 2022
- Verificar as resoluções dos Problemas NP-Completo

## Proposta Metodológica Preliminar

Para a realização deste estudo, será dividido em duas partes: a primeira parte, levantamento dos artigos publicados, e a segunda parte, que será a análise dos artigos. Dessa forma, será aplicado:

- Levantamento de artigos: serão pesquisados sobre Computação por DNA, NP-completo, Computação Natural segundo critérios de pesquisa, como:
  - Palavra Chaves: *DNA Computing*, *NP-Problem*, Computação Natural
  - Data de publicação: 1994 – 2022;
  - Autores: Têm proficiência com o tema;
  - Índice de citações: Número de citações por outros autores;

Sendo utilizado as plataformas Google Scholar, PubMed, Arxiv, SpringerLink, ACM, IEEE, CiteSeer, Biblioteca Digital da Sociedade Brasileira de Computação, Scielo, Jstor, Journal Computer Biology e Repositorios das Universidades Federais e Estaduais.

- Análise de artigos: será usado para analisar os artigos publicados, a revisão sistemática, sendo elaborado uma ficha contendo: tema, autores, palavras chaves, metodologia, objetivo da pesquisa, objeto pesquisado, conclusão, importância e problema encontrados.

# Referências

ADLEMAN, L. Molecular computation of solutions to combinatorial problems. *Science*, v. 266, p. 1021–1024, 11 1994. Disponível em: <https://science.sciencemag.org/content/266/5187/1021/tab-pdf>. Citado na página 3.

BENNETT, C. H. The thermodynamics of computation—a review. *International Journal of Theoretical Physics*, v. 21, p. 905–940, 12 1982. Citado na página 2.

CONRAD, M. On design principles for a molecular computer. *Communications of the ACM*, v. 28, p. 464–480, 05 1985. Citado na página 2.

CONRAD, M.; LIBERMAN, E. A. Molecular computing as a link between biological and physical theory. *Journal of Theoretical Biology*, v. 98, p. 239–252, 09 1982. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/0022519382902624>. Citado na página 2.

FEYNMAN, R. P. There's plenty of room at the bottom [data storage]. *Journal of Microelectromechanical Systems*, v. 1, p. 60–66, 03 1992. Disponível em: [http://web.pa.msu.edu/people/yang/RFeynman\\_plentySpace.pdf](http://web.pa.msu.edu/people/yang/RFeynman_plentySpace.pdf). Citado na página 2.

FILHO, E. I. *Uma metodologia para computação com DNA*. 1-83 p. Tese (Doutorado), 09 2004. Disponível em: <https://www.lume.ufrgs.br/handle/10183/16662>. Citado na página 3.

GIBBONS, A.; AMOS, M.; HODGSON, D. Dna computing. *Current opinion in biotechnology*, v. 8, p. 103–6, 03 1997. Citado na página 2.

LEAL, L. A. d. S. *Uma fundamentação teórica para a complexidade estrutural de problemas de otimização*. Tese (Doutorado), 2002. Disponível em: <https://lume.ufrgs.br/handle/10183/4144>. Citado na página 3.

SZWARCFITER, J. L.; OLIVEIRA, F. S.; PINTO, P. E. *TEORIA COMPUTACIONAL DE GRAFOS: Os Algoritmos*. [S.l.]: Elsevier, 2018. 1-437 p. Citado na página 3.