

Modely sebeskládajících DNA nanostruktur

Vypracoval: Jakub Klemsa

Školitel: Ing. Štěpán Starosta, Ph.D.

Fakulta jaderná a fyzikálně inženýrská
Matematická informatika

19. června 2014

1. Úvod

2. Modely založené na Wangovo dláždění

- Wangovo dláždění
- aTAM
- Studované složitosti
- Turingovská univerzalita aTAMu
- Meze studovaných složitostí
- Důsledky

3. Návrh řešení NP problémů

- Přizpůsobení modelu NP
- Problém k -kliky
- Počítačová simulace

Úvod

Výhody

- paralelizmus – ve zkumavce až 10^{18} „větších“ molekul
- energetická efektivita (Adleman [1])

Úvod

Výhody

- paralelizmus – ve zkumavce až 10^{18} „větších“ molekul
- energetická efektivita (Adleman [1])

Nevýhody

- pravděpodobnostní povaha
- chybovost
- na 10^{18} operací stačí hrubá síla (řádově dny na clusteru s tisíci jader)

Úvod

Výhody

- paralelizmus – ve zkumavce až 10^{18} „větších“ molekul
- energetická efektivita (Adleman [1])

Nevýhody

- pravděpodobnostní povaha
- chybovost
- na 10^{18} operací stačí hrubá síla (řádově dny na clusteru s tisíci jader)

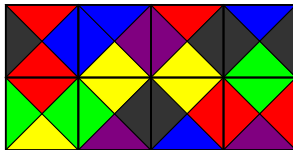
Pole studia

- kinetika reakcí
- **abstraktní modely pohledem matematické informatiky**

Wangovo dláždění

Čtvercové dláždění roviny (její části), kde

- dlaždice mají na hranách barvu z konečné množiny barev (lepidel)
- jsou orientované (zakázáno rotovat nebo překlápět)
- sousedit smí pouze dlaždice se stejnou barvou na společné hraně



Obrázek: Wangovo dláždění.

aTAM (Abstract Tile Assembly Model)

Rothemund, Winfree rozšířili definici

- každé lepidlo má přidružené přirozené číslo – síla lepidla
- existuje prázdné lepidlo se silou 0, které smí sousedit se všemi
- dláždění se utváří
 - z iniciální dlaždice
 - po jedné dlaždici
 - součet právě připojených lepidel musí být větší nebo roven zadané hodnotě (tzv. *teplota*, ozn. τ)

Studované složitosti I

Biostep complexity $Bs(n)$

- počet laboratorních procedur (popsané v Adleman [2], Winfree [5])
- jedna trvá až desítky minut
- za proveditelné budeme uvažovat pouze $Bs(n) \in O(1)$

Binding complexity $Bnd(n)$

- počet vazeb v koncovém dláždění
- kvůli rostoucí psti chyby – proveditelné $Bnd(n)$ polynomiální

Studované složitosti II

Tile complexity $Ti(n)$

- počet různých dlaždic
- potřeba je syntetizovat – proveditelné $Ti(n)$ polynomiální

Glue complexity $Gl(n)$

- počet různých lepidel – sekvencí
- dlouhé se mohou vázat chybně – proveditelné $Gl(n)$ polynomiální

Turingovská univerzalita aTAMu

Tvrzení (Winfree [5])

aTAM je při teplotě $\tau = 2$ Turingovsky univerzální (TU).

- důkaz převodem na celulární automat
- nezjistím nic o spotřebě zdrojů

Vlastní důkaz

- přímočarý
- v práci str. 15-16

Meze studovaných složitostí

Lemma

Studované složitosti v tomto systému jsou omezené:

Biostep. $Bs(n) \in O(1)$.

Binding. $Bnd(n) \in O(s(n) \cdot t(n))$, kde $t(n)$ je čas a $s(n)$ prostor spotřebovaný simulovaným TS.

Tile. $Ti(n) \in O(n)$.

Glue. $Gl(n) \in O(n)$.

Proveditelnost BPP ve 2D při $\tau = 2$

BPP je třída jazyků rozhodnutelných pravděpodobnostním Turingovým strojem (PTS) v polynomiálním čase, považuje se za proveditelnou

Z předchozího lemmatu plyne:

Důsledek

BPP je proveditelná v modelu aTAM ve 2D při $\tau = 2$.

Poznámka

$P \subseteq BPP$.

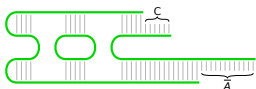
Přizpůsobení aTAMu řešení NP problémů

Odvozen z Winfreeho ukázky řešení problému Hamiltonovské cesty

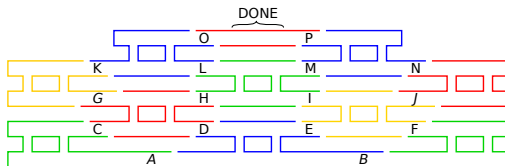
Poznámka

Tento model lze snadno simulovat klasickým aTAMem.

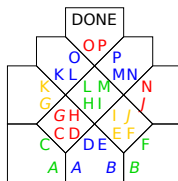
Přizpůsobení aTAMu řešení NP problémů



(a) Rohová molekula



(b) Schéma sebeskladu

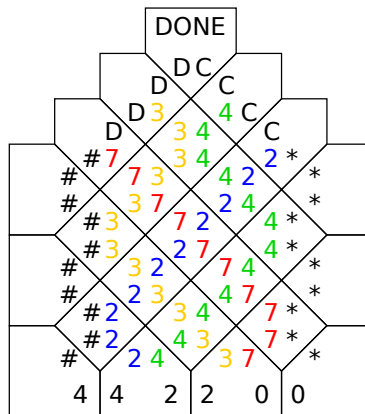
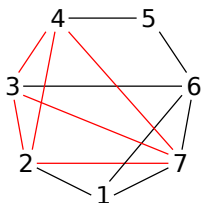


(c) Model

Obrázek: Evoluce modelu od molekul k dlaždicím.

Problém k -kliky

NP-úplný problém



Obrázek: Nalezení k -kliky. Řazení barev je dáno jejich vlnovou délkou.

Simulace v xgrow

xgrow je open-source simulátor jak kinetických tak abstraktních modelů.

- skriptem (na CD) k zadanému grafu generuji potřebné dlaždice
- se zapnutím kinetiky není jednoduché dosáhnout bezchybného dláždění

Reference I



Leonard M Adleman.

Molecular computation of solutions to combinatorial problems.
Science - New York then Washington, pages 1021–1024, 1994.



Leonard M Adleman.

On constructing a molecular computer.
1995.



Matthew Cook, Yunhui Fu, and Robert Schweller.

Temperature 1 self-assembly: Deterministic assembly in 3d and probabilistic assembly in 2d.
In *Proceedings of the Twenty-Second Annual ACM-SIAM Symposium on Discrete Algorithms*, pages 570–589. SIAM, 2011.



Tsu Ju Fu and Nadrian C Seeman.

Dna double-crossover molecules.
Biochemistry, 32(13):3211–3220, 1993.

Reference II



Erik Winfree.

Algorithmic self-assembly of DNA.

PhD thesis, California Institute of Technology, 1998.