

DNA Computing und Sprachtheorie

Marus Lohrey (Univ. Stuttgart/
Univ. Halle)

Zimmer 211

lohrey@informatik.uni-stuttgart.de

Vorlesung: Do 8.15 - 9.45 } Raum 1.03
Do 10.15 - 11.00 }

Übung: Do 11.00 - 11.45 Raum 1.03

Literatur:

Päun, Rozenberg, Salomaa

DNA Computing

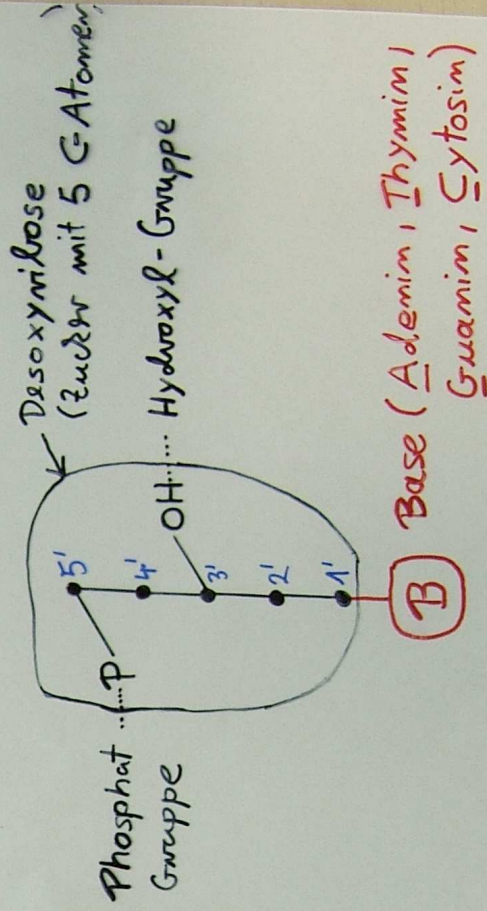
Springer 1998

DNA-Computing und Sprachtheorie

Kap. 1 Biologische Grundlagen

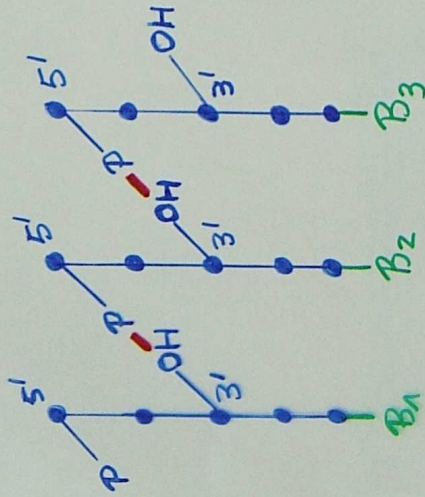
DNS (DNA) Desoxyribonukleotidsäure

Schematischer Aufbau

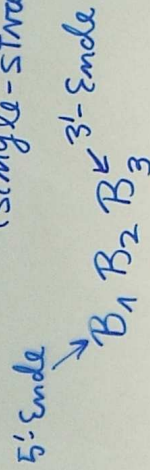


Bindungsmöglichkeiten

(1) **Phosphodiester-Bindung**: starke Bindung



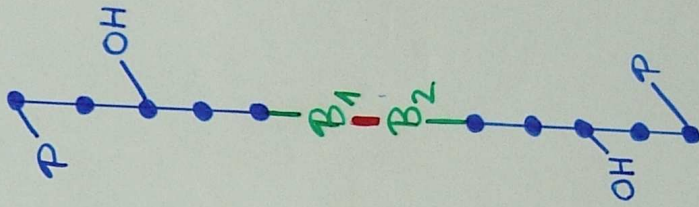
Resultat: einsträngige DNS
(single-stranded DNA)



oder 5'-B₁B₂B₃-3'

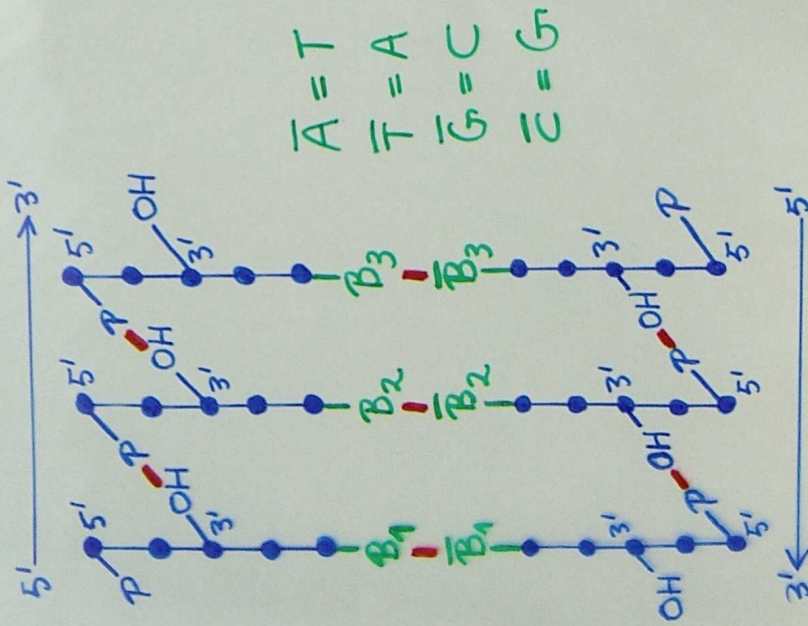
oder 3'-B₃B₂B₁-5'

(2) **Wasserstoffbrückenbindung**:
schwächere Bindung



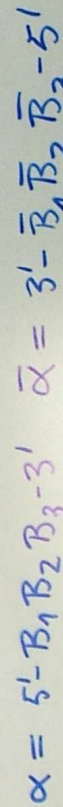
$(B_1, B_2) \in \{ (A, T), (T, A), (G, C), (C, G) \}$

Gesamtstruktur der DNS



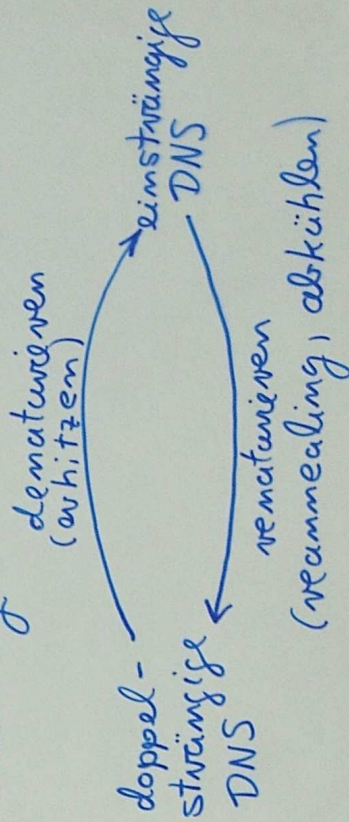
doppel-strängige DNS: 2 komplementäre
 1-strängige DNS-Moleküle mit entge-
 gengesetzter Orientierung:

Watson-Crick-Komplementarität



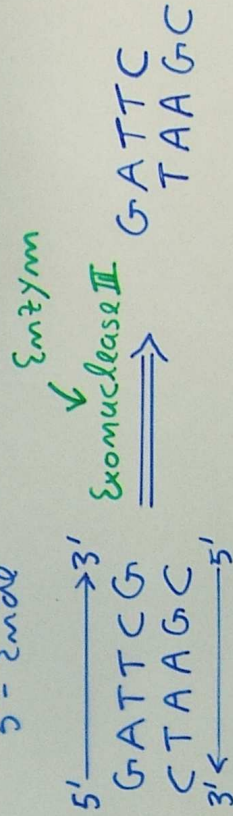
Manipulation von DNS

(1) Denaturierung, Renaturierung
 "Auflösen der Wasserstoffbrücken-
 bindung"



(2) Verkümmern von DNS

z.B. Entfernung von Basen am 3'-Ende
 5'-Ende

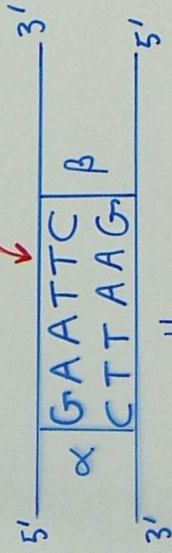


(3) Zerschneiden vom DNS

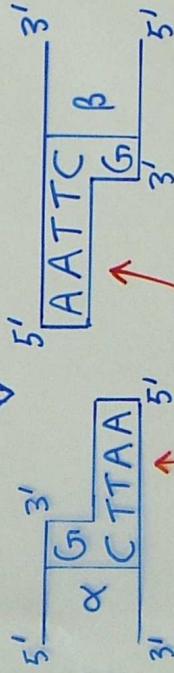
an spezifischen Mustern (recognition sites) oder an beliebigen Stellen.

Beispiel 1

recognition site



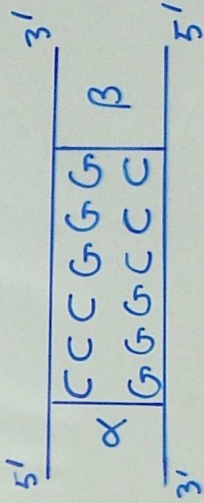
EcoRI-Endonuclease



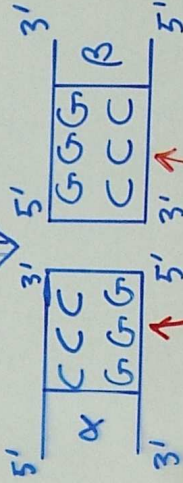
abgestufte Enden

(staggered ends, sticky ends)

Beispiel 2

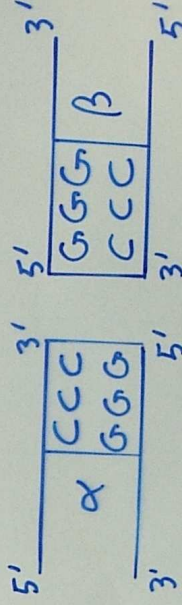


SmaI



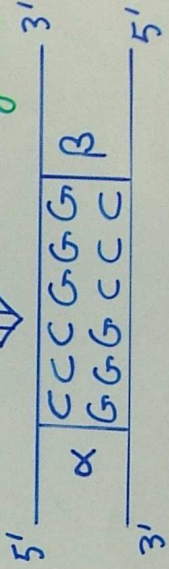
stumpfe Enden (blunt cuts)

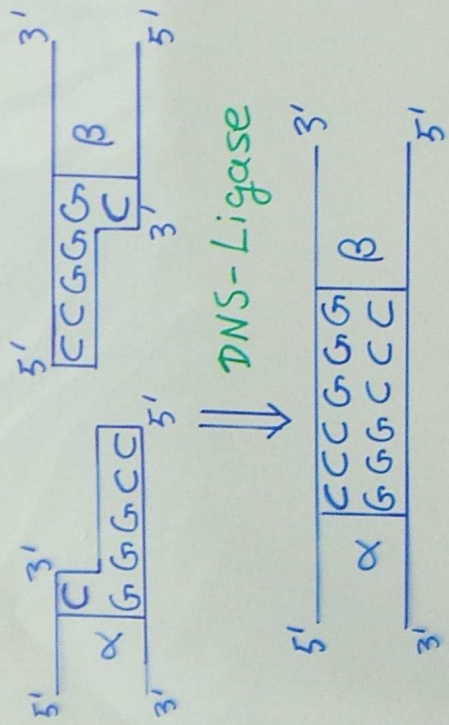
(4) Verkleben vom DNS (Ligation)



Blunt-end ligation

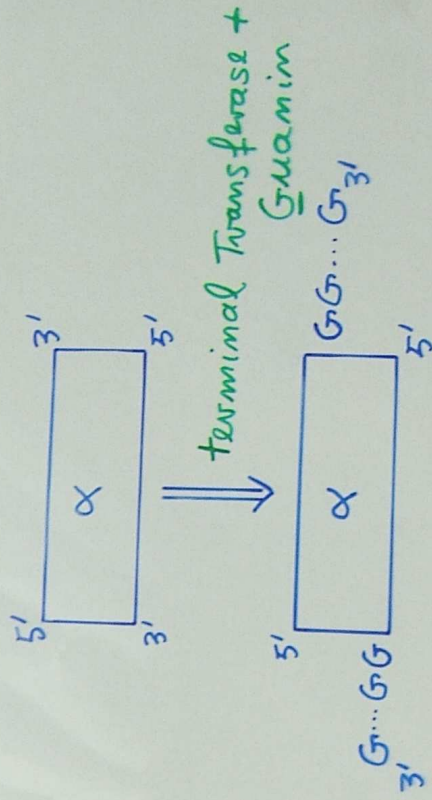
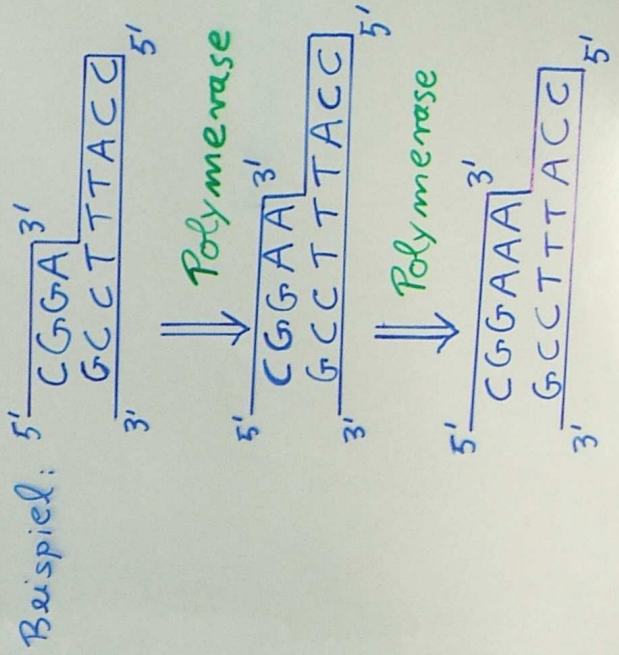
DNA-Ligase





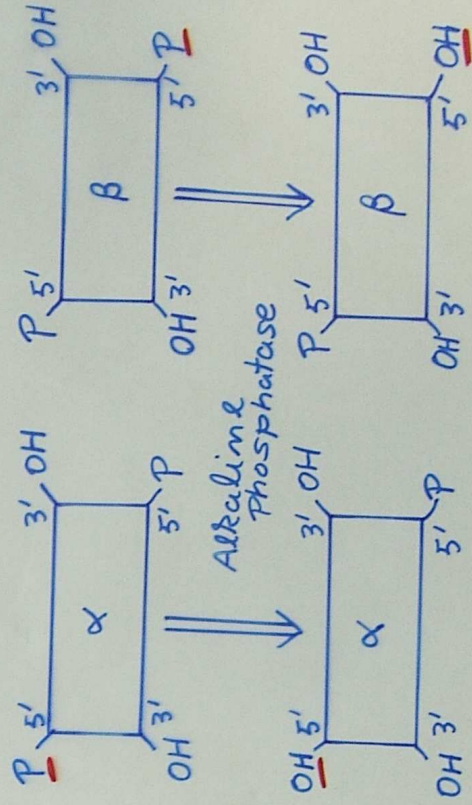
sticky-end ligation

(5) Vervollständigen / Synthetisierung vom DNS



(6) Modifikation vom Nucleotidem

Beispiel



Verhindert Ligation $\alpha, \alpha \Rightarrow \alpha\alpha$ und $\beta, \beta \Rightarrow \beta\beta$

aber erlaubt weiterhin $\alpha, \beta \Rightarrow \alpha\beta$

(7) Weitere wichtige Operationen auf DNS, die sich biotechnologisch realisieren lassen

- Vervielfältigung von bestimmten DNS-Sequenzen

Polymerase-Ketten-Reaktion

Nach n Wiederholungen: 2^n -fache Menge

- Herausfiltern aller DNS-Sequenzen aus DNS-Suppe, die eine bestimmte Teilsequenz enthalten

- Sequenzierung: Ermittlung der Basenabfolge eines gegebenen DNS-Moleküls.

Kapitel 2: Adleermans Experiment (1994)

Lösung des Hamilton-Pfad-Problems (HPP) für einen bestimmten Graphen mit 7 Knoten

HPP

INPUT: Ein gerichteter Graph G und zwei Knoten $s \neq t$ von G

FRAGE: Existiert ein Pfad von s nach t in G , der jeden Knoten von G genau einmal besucht?

HPP ist NP-vollständig

Konsequenz: Keiner glaubt, dass es einen Polynomialzeit-Algorithmus zur Lösung von HPP gibt.