

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

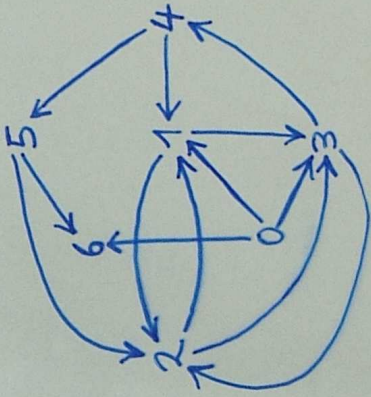
INPUT: Ein gerichteter Graph G und zwei Knoten $s \neq t$ von G

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.

Adleman's Graph G



Hat G einen Hamilton-Pfad von $s=0$ nach $t=6$?

Ja: 0, 1, 2, 3, 4, 5, 6

Lösung mit "DNS-Rechner"

Ausnutzung massiver Parallelität

Vorgehen:

(1) Entwerfe Pfade in G zufällig in sehr großer Menge.

(2) Werfe alle Pfade weg, die nicht mit s beginnen ~~wird~~ nicht mit t enden.

(3) Werfe alle Pfade weg, die nicht aus genau n (= Anzahl der Knoten von G) Knoten bestehen

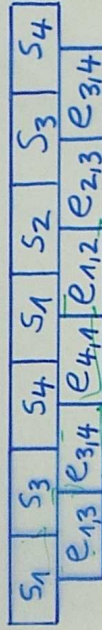
(4) Für jeden Knoten v : Werfe alle Pfade weg, die nicht v enthalten.

OUTPUT: "JA" falls mindestens ein Pfad überlebt, sonst "NEIN"

• Schritt (1): -Synthetisieren s_i ($0 \leq i \leq 6$) und e_{ij} für jede Kante $i \rightarrow j$ vom G .

- Massive Vervielfältigung mittels Polymerase-Ketten-Reaktion
- Ligation

Im der entstehenden Lösung befindet sich eine Vielzahl von Zufallspfaden in G , z.B.:



Falls in Schritt (1) Polymerase-Ketten-Reaktion und Ligation genügend lange durchgeföhrt wird, befindet sich in der resultierenden Lösung auch ein Hamilton-Pfad von s nach t .

• Schritt (2) - (4) lassen sich mittels bio-technologischer Filteroperationen realisieren

Implementierung mit DNS:

Kodiere jeden Knoten $0 \leq i \leq 6$ durch einsträngige DNS s_i der Länge 20.

z.B. $s_2 = \text{TATCGGATCGGTATATCCGA}$
 $s_3 = \text{GCTATTCTGAGCTTAAAGCTA}$

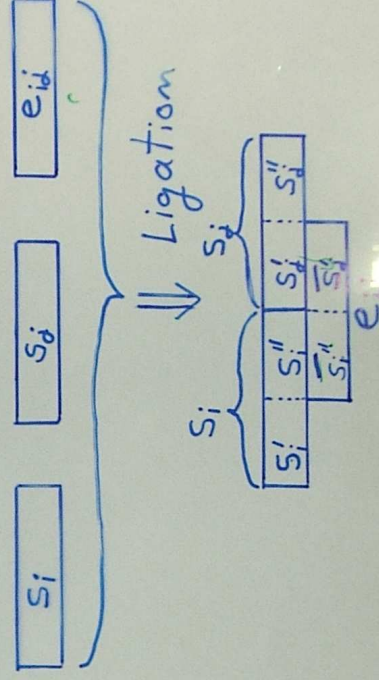
Schreibe $s_j = s'_i s''_j$ mit $|s'_i| = |s''_j| = 10$

Kodiere Kante $i \rightarrow j$ vom G durch

einsträngige DNS $e_{ij} = \overline{s'_i} s'_j$

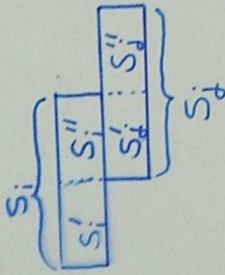
z.B. $e_{2,3} = \text{CATATAGGCTCGATAAGCTC}$

e_{ij} dient als Klammer zwischen s_i und s_j :



Bemerkungen:

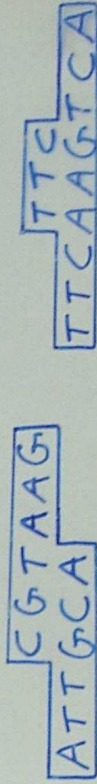
- Die Sequenzen S_i und E_{ij} müssen "genügend zufällig" sein:
z.B. sollte $S_i \neq \overline{S_j}$ gelten, sonst ist unerwünschte Ligation möglich:



- Adlemans Experiment benötigte ca. 7 Tage.
4 Stunden Ligation
 $\approx 10^{13}$ Kopien der S_i und E_{ij}

Kap 3. Sticker Systeme

Grammatiken zur Kombination von unvollständiger DNS (Dominos) wie z.B.



Vollgemeinerungen gegenüber biologischer Realität:

- $\{A, T, C, G\}$ wird durch beliebiges endliches Alphabet V ersetzt.
- Watson-Crick-Komplementarität $\{(A, T), (T, A), (C, G), (G, C)\}$ wird durch beliebige symmetrische Relation $\rho \subseteq V \times V$ ersetzt
 $(a, b) \in \rho \Leftrightarrow (b, a) \in \rho$