

DNA计算与生物数学

孟大志、曹海萍
北京工业大学应用数理学院

介绍了一门新的科学领域—DNA计算的一些基本概念和基础知识,并提出了一些创造性的看法,而且给出了一些新的结论。主要从以下几个方面叙述:DNA计算的常用操作、DNA计算的几种形式化模型、并以其中一种模型为例证明了DNA计算的完备性和通用性,还介绍了DNA计算的重要机制,自装配的基本概念及自装配常用分子,并给出了一些常用分子的自装配与形式语言产生过程的对应,证明了双链分子的自装配能够产生于线性语言对应的分子链,不同于一般认为的双链分子仅能产生于正规语言相对应的分子链。另外,自装配的复杂度也是一个很重要的内容,最后提出了对DNA计算这一新兴领域的前景及发展的创造性看法。

DNA COMPUTING AND BIOLOGICAL MATHEMATICS

A new research area—DNA computing was introduced and some new view were put forward. The paper relates mainly about to universal operations, the formal models, the universality and perfection, a central mechanism of DNA computing—self_assembly, and the complexity of self_assembly etc. Moreover, the result of self-assembly by DNA double strands can be generated from double strands corresponding to the linear language was also proved.

关键词

形式语言(Formal language); 自装配(Self_assembly)