



Universiteit
Leiden
The Netherlands

Models of natural computation : gene assembly and membrane systems

Brijder, R.

Citation

Brijder, R. (2008, December 3). *Models of natural computation : gene assembly and membrane systems*. *IPA Dissertation Series*. Retrieved from <https://hdl.handle.net/1887/13345>

Version: Corrected Publisher's Version

License: [Licence agreement concerning inclusion of doctoral thesis in the Institutional Repository of the University of Leiden](#)

Downloaded from: <https://hdl.handle.net/1887/13345>

Note: To cite this publication please use the final published version (if applicable).

Nederlandse Samenvatting

Binnen het omvangrijke onderzoeksgebied Natural Computing kan men twee richtingen onderscheiden. Eén richting bestudeert processen in de natuur door ze op te vatten als rekenkundige bewerkingen. De andere onderzoeksrichting analyseert en ontwikkelt rekenkundige methoden en modellen geïnspireerd op de natuur. Dit proefschrift bestudeert uit beide bovengenoemde zijden van Natural Computing een representant.

Het onderwerp van Deel 1 van het proefschrift is gene assembly, een representant uit de eerste onderzoeksrichting. Gene assembly vindt plaats in ciliaten – een zeer oude groep eencellige organismen die in grote diversiteit van soorten verspreid over de aarde aanwezig is. Ciliaten hebben de opmerkelijke eigenschap dat ze twee typen celkernen hebben, de micronucleus en de macronucleus, die uitermate verschillend van elkaar zijn, zowel functioneel als fysiek. Tijdens de seksuele reproductie van ciliaten verandert een (nieuw gevormde) micronucleus in een macronucleus. Dit proces heet gene assembly. Gedurende het proces wordt ieder gen op een complexe wijze geknipt en geplakt. Het onderliggende principe van het knippen en plakken wordt recombinatie genoemd. Door middel van recombinatie wordt ieder gen in de micronucleus getransformeerd in een gen in de macronucleus.

Centraal in Deel 1 staat een graaf die, op basis van een beschrijving van een gen in de micronucleus (de beginsituatie), het resultaat na recombinatie weergeeft. Dit eindresultaat bevat naast een lineaire DNA-structuur mogelijk diverse cirkelvormige DNA-structuren. Deze structuren zijn in de graaf eenvoudig terug te vinden. Het corresponderende gen in de macronucleus bevindt zich op een van deze structuren en wordt daardoor ook door de graaf gerepresenteerd. In Hoofdstuk 3 blijkt bovendien dat door middel van de graaf de mogelijke volgorde waarin de cirkelvormige DNA-structuren ontstaan gedurende gene assembly gekarakteriseerd kunnen worden. Dit is opmerkelijk aangezien de graaf enkel op basis van de beginsituatie geconstrueerd wordt. In Hoofdstuk 4 worden de ontstane lineaire en cirkelvormige DNA-structuren als uitgangspunt genomen, en worden de mogelijke beginsituaties beschreven die deze DNA-structuren opleveren. Het blijkt dat meerdere beginsituaties hetzelfde eindresultaat kunnen hebben. Tevens blijkt dat de beginsituaties met hetzelfde eindresultaat in elkaar over te voeren zijn door middel van string-herschrijfgeregels. Opvallend daarbij is dat deze her-

schrijfgeregels veel gelijkenis vertonen met een bekend model van gene assembly dat drie typen van recombinitie onderscheidt. Ook worden in dit hoofdstuk de mogelijke grafen die eindsituaties representeren beschreven in termen van eenvoudig te verifiëren condities. In Deel 1 dient gene assembly als motivatie; er wordt gewerkt binnen een abstracte setting gebaseerd op strings. Uitzondering hierop is Hoofdstuk 5, waarin de bovengenoemde graaf op equivalente wijze gedefinieerd is in termen van grafen in plaats van strings.

Het onderwerp van Deel 2 van het proefschrift is membrane computing, een representant uit de tweede onderzoeksrichting. Binnen deze onderzoeksrichting worden systemen geïnspireerd op de werking van membranen binnen een cel (of tussen cellen) bestudeerd. Membranen verdelen een cel in diverse compartimenten en laten bepaalde moleculen of ionen alleen op een gecontroleerde wijze van een compartiment naar de andere door. Deze moleculen (of ionen) zijn daardoor in een juiste hoeveelheid aanwezig in de compartimenten. Binnen membrane computing wordt de werking van membranen opgevat als een rekenkundig proces. De membranen vormen hier een hiërarchische structuur die de cel in diverse compartimenten verdeelt. Ieder van deze compartimenten bevat een aantal objecten, en deze kunnen door middel van voorgeschreven regels getransformeerd worden in andere objecten en/of verplaatst worden naar andere compartimenten. Belangrijke eigenschap hierbij is dat de regels op een maximaal parallelle wijze worden uitgevoerd. Hieronder wordt verstaan dat de verzameling regels (preciezer: regelinstanties) die worden gebruikt in een tijdstap maximaal is – er is geen regel meer die (een gedeelte van) de ongebruikte objecten had kunnen transformeren. Deze maximale parallelle wijze van regeluitvoering biedt het membraansysteem soms onverwachte rekenkracht.

Men kan diverse klassen van membraansystemen onderscheiden. In Hoofdstuk 6 worden membraansystemen bekeken waarbij objecten niet alleen in de compartimenten kunnen voorkomen, maar ook op de membranen. De objecten beïnvloeden op deze wijze het functioneren van de membranen. Een membraan kan bijvoorbeeld de verplaatsing van bepaalde objecten alleen toestaan als er op het membraan een specifiek object bevindt. Ook kan een membraan al dan niet gesplitst worden afhankelijk van de aanwezigheid van objecten op het membraan. Vervolgens beschrijft Hoofdstuk 7 membraansystemen waarbij de evolutie van het systeem afhangt van signalen van buiten. Het signaal bestaat hierbij uit een reeks objecten die één voor één actief worden en daarmee de activatie van de (evolutie)regels beïnvloedt. Het signaal verplaatst zich door het systeem totdat alle objecten van het signaal verbruikt zijn. Tenslotte bestudeert Hoofdstuk 8 een specifieke klasse van symport/antiport membraansystemen. Essentieel bij (standaard) symport/antiport systemen is dat iedere evolutieregel precies twee voorgeschreven objecten tegelijkertijd door een membraan heen laat gaan. In dit hoofdstuk staan we binnen een dergelijk membraansysteem toe dat de twee objecten tijdens het verplaatsen tevens kunnen veranderen. Motivatie hiervoor is dat moleculen gedurende de doorgang van een membraan betrokken kunnen zijn bij chemische reacties, waardoor de moleculen op cruciale wijze kunnen veranderen.

Het centrale onderzoeksonderwerp van Deel 2 is het bepalen van de rekenkracht van de bovengenoemde klassen van membraansystemen (en van natuurlijke restricties op deze klassen) door ze zowel onderling als met andere bekende en uitvoerig bestudeerde klassen te vergelijken. Daaruit blijkt dat de rekenmogelijkheden van de verschillende membraansystemen aanzienlijk kunnen verschillen. Bijvoorbeeld blijkt uit Hoofdstuk 6 dat er geen algoritme bestaat die bepaalt of gedurende de evolutie van het systeem er een membraan is die een gegeven verzameling objecten bevat. Echter, als we de splitsing van membranen niet toestaan, dan bestaat een dergelijk algoritme wel.

