

# UN MARCO FORMAL PARA MODELOS DE COMPUTACIÓN BIO-INSPIRADOS

Mario J. Pérez-Jiménez

Grupo de Investigación en Computación Natural  
Universidad de Sevilla  
marper@us.es

**Resumen:** *Los organismos vivos, así como sus distintas componentes básicas, moléculas orgánicas, células, tejidos y órganos, realizan una serie de procedimientos que pueden ser interpretados como procesos de cálculo. La abstracción de dichos procesos permite diseñar un marco formal de modelos de computación cuyos procedimientos mecánicos están inspirados en la forma en que evolucionan las materias orgánicas. Este trabajo está centrado en dos tipos de modelos de computación molecular basados en ADN (el modelo restringido de L. Adleman y el modelo débil de M. Amos) y en el estudio de procesos de verificación formal de máquinas moleculares de dichos modelos que resuelven de manera eficiente problemas computacionalmente duros.*

## 1 Introducción

El ácido desoxirribonucleico (ADN) es un polímero compuesto básicamente por una sucesión de cuatro bases nucleótidas que codifica toda la información genética de los seres vivos. En 1951, J. Watson y F. Crick descifraron su estructura y en 1953 descubrieron un principio de complementariedad, por el cual cadenas simples de ADN pueden enlazarse con otras dando lugar a la estructura molecular conocida como *doble hélice*. Además, Watson y Crick justificaron la posibilidad de utilizar ciertas técnicas en el laboratorio para manipular moléculas de ADN.

En noviembre de 1994, L. Adleman ([1]), resolvió una instancia muy simple de un problema computacionalmente duro, el *problema del circuito hamiltoniano* (en su versión dirigida y con un par de nodos distinguidos), mediante el uso de técnicas de biología molecular para la manipulación de moléculas de ADN. El experimento de Adleman abrió nuevos horizontes en el marco de la computación no convencional al proporcionar el primer ejemplo de computación a nivel molecular, materializando en cierto sentido las ideas que R. Feynman ([6]) postuló a finales de la década de los cincuenta del siglo pasado.

A principios de 1995, inspirado en las ideas de Adleman, R.J. Lipton ([8]) realizó una propuesta teórica para resolver todas las instancias del *problema SAT de la satisfactibilidad de la Lógica Proposicional* que posean el mismo tamaño, proporcionando específicamente el primer ejemplo de un *esquema algorítmico molecular*.

Con los experimentos de Adleman (real) y Lipton (teórico) nace propiamente una nueva disciplina de la *Computación Natural*, a saber, la *Computación Molecular basada en ADN*. A lo largo de 1995 aparecen los primeros modelos de computación basados en la abstracción de procesos que resultan de realizar operaciones con moléculas de ADN en un laboratorio. En 1996, D. Beaver ([5]) demuestra que los primeros modelos introducidos son *universales*, en el sentido de tener la misma potencia computacional que las máquinas de Turing.

En este trabajo se presentan dos modelos de computación molecular: el *modelo restringido* de L. Adleman ([2]) y el *modelo débil* de M. Amos ([3]). En dichos modelos se presenta una solución eficiente del problema de la coloreabilidad de un grafo no dirigido con tres colores, y se establece la verificación formal de dicha solución utilizando una técnica inductiva.

## References

1. ADLEMAN, L. Molecular Computation of Solutions to Combinatorial Problems, *Science*, 268, November 1994, 1021–1024.
2. ADLEMAN, L. On constructing a molecular computer. En R.J. Lipton y E.B. Baum (eds.) *DNA based computers*, American Mathematical Society, 1996, 1–22.
3. AMOS, M. *DNA computing*. Ph. D. Thesis, University of Warwick, 1997.
4. AMOS, M.; WILSON, S.; HODGSON, D.A.; OWENSON, G.; GIBBONS, A. Practical implementation of DNA computations, in *Unconventional Models of Computation*, Springer, 1998, 1–18.
5. BEAVER, D. A universal molecular computer, En R.J. Lipton y E.B. Baum (eds.) *DNA based computers*, American Mathematical Society, 1996, 29–36.
6. FEYNMAN R.P. There's plenty of room at the bottom. En D.H. Hilbert (ed.) *Miniaturization*, Reinhold, 1961, 282–296.
7. GAREY M.R.; JOHNSON D.S. *Computers and intractability*, W.H. Freeman and Company, New York, 1979.
8. LIPTON R.J. DNA Solution of Hard Computational Problems, *Science*, 268, April 1995, 542–545.