



我国学者在DNA计算领域取得最新进展

日期 2023-09-21 来源: 交叉科学部 作者: 段玉萍 戴亚飞 【大中小】 【打印】 【关闭】

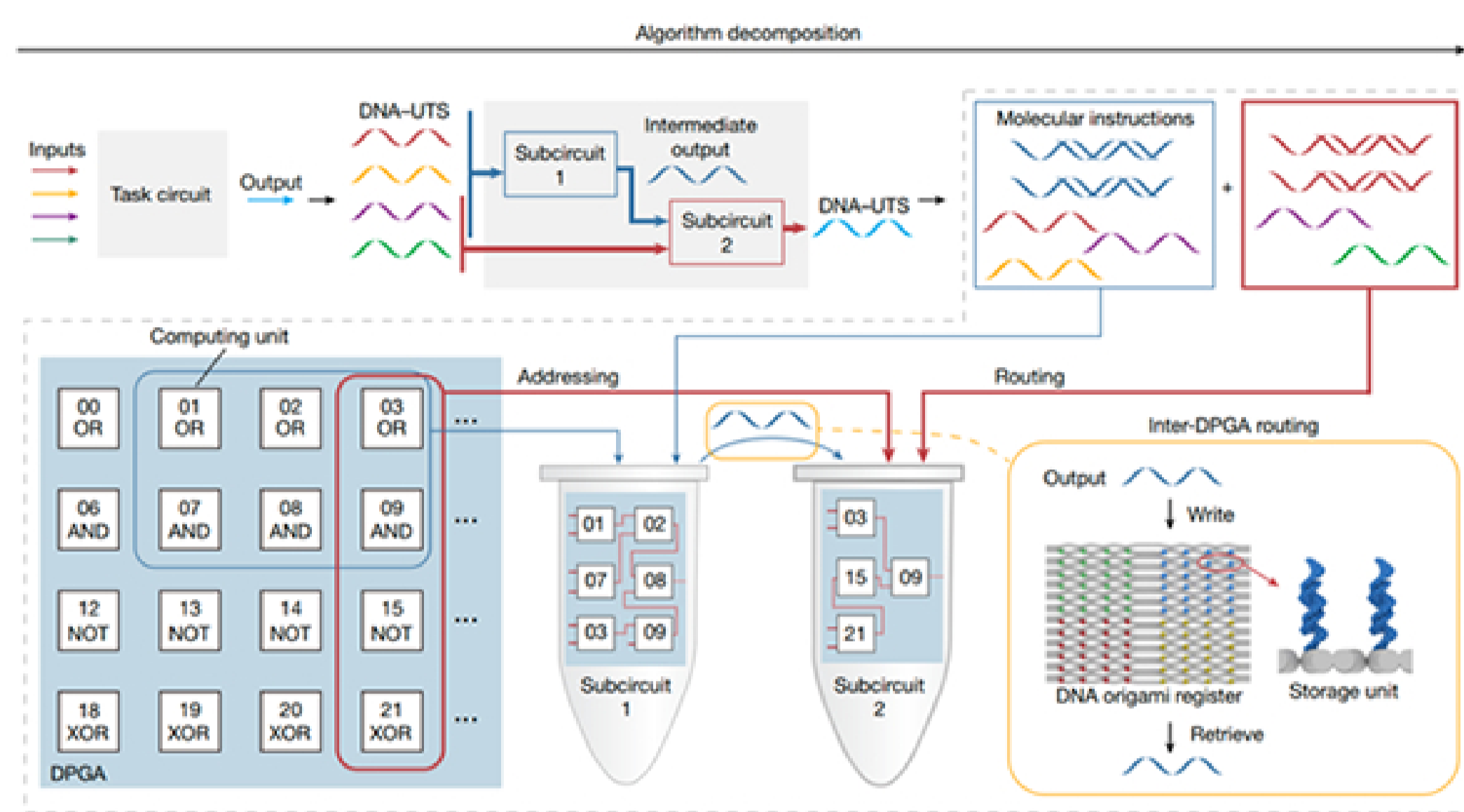


图 DNA可编程门阵列用于通用性计算编程流程

在国家自然科学基金项目(批准号: T2188102、21991134、21904060、22025404、22104088)等资助下,上海交通大学化学化工学院/变革性分子前沿科学中心樊春海院士与王飞副教授近期发展了一种支持通用性数字计算的DNA可编程门阵列(DNA-based programmable gate array, DPGA),可通过分子指令编程的方式实现通用数字DNA计算,实现了无衰减大规模液相分子电路的构建。研究成果以“基于DNA的可编程门阵列用于通用DNA计算(DNA-based programmable gate arrays for general-purpose DNA computing)”为题,于2023年9月13日发表在《自然》(Nature)杂志,论文链接: <https://www.nature.com/articles/s41586-023-06484-9>。

1994年,图灵奖得主Adleman提出利用DNA的碱基互补配对原则来发展生物计算。自此以后,基于DNA分子间相互作用的液相DNA分子计算,在高并行编码与执行算法方面展现出巨大的潜能。研究者利用DNA分子反应网络,成功实现了细胞自动机、逻辑电路、决策机器、神经网络等多种功能。然而,现有的DNA计算体系仅能针对特定功能进行硬件定制。在电子计算机领域,通用性集成电路(如FPGA)可通过软件编程的方式执行各种运算功能,无需从头设计制造硬件,为研发计算机提供了高阶平台。因此,如何发展具有通用性的DNA运算元件及其编程与集成已成为制约DNA计算领域发展的瓶颈。

针对这一挑战性问题,研究团队首先证明了利用单链DNA作为统一传输信号(DNA-UTS),可实现类似电子在电路中传输的功能。进而,开发了一种支持通用性数字计算的DPGA和支持器件层次的多DPGA集成方法,实现了器件内的可编程性和器件间可集成性。当电路的复杂度超出单个DPGA可执行规模时,DPGA可分解为多个子任务,并生成对应的分子指令;每一个子电路的分子指令通过逻辑地址调用并连接参与运算的DNA元件,实现DPGA的编程;通过DNA折纸寄存器介导实现子电路之间的信号传输和多DPGA布线,最终实现了器件级的多DPGA集成。

利用DPGA的可编程性与高集成度,本研究突破了DNA分子计算在电路规模和电路深度的瓶颈,首次在实验上展示了高达30个逻辑元件、500条DNA链,和包含30层DNA链取代反应的电路规模,取得了DNA计算领域的新突破。研究发现DNA-UTS在跨越多个DPGA传输的过程中没有显著衰减,证明了DPGA的高度可扩展性。理论上保证了任何实际问题都可以在模数转换后,通过DNA-UTS接入DPGA电路。本研究中概念性展示了将DPGA作为分子诊断中的信息处理核心,可对疾病相关的分子靶标进行非线性分类。DPGA可集成运行大规模反应网络的能力,标志着迈向通用性DNA计算的关键一步,有望在数学运算、疾病诊断等方面得到更加广泛的应用。

机构概况: 概况 职能 领导介绍 机构设置 规章体系 专家咨询 评审程序 资助格局 监督工作

政策法规: 国家科学技术相关法律 国家自然科学基金条例 国家自然科学基金规章制度 国家自然科学基金发展规划

项目指南: 项目指南

申请资助: 申请受理 项目检索与查询 下载中心 代码查询 常见问题解答 科学基金资助体系

共享传播: 年度报告 中国科学基金 大数据知识管理服务云平台 优秀成果选编

国际合作: 通知公告 管理办法 协议介绍 进程简表

信息公开: 信息公开制度 信息公开管理办法 信息公开指南 信息公开工作年度报告 信息公开目录 依申请公开