



细胞计算进展与展望*

文 / 潘林强 宋 弢
华中科技大学自动化学院 武汉 430074

【摘要】 细胞是生物体最基本的结构和功能单元,它蕴含了大自然几千万年进化所沉淀的智能。细胞外膜将细胞内部和细胞环境分割开,控制细胞内外物质的进出,而细胞内膜将细胞内部分成具有不同生物功能的细胞器,这使得细胞自身构成了一个分布式并行信息处理系统。文章介绍了研究细胞计算的背景,细胞的基本结构和功能,以及基于细胞的结构和功能而发展起来的计算机科学新领域:膜计算。膜计算目前主要有3类计算模型:细胞型计算模型、组织型计算模型和神经型计算模型,这3类计算模型分别以单个细胞、细胞群体和神经元作为计算载体。膜计算在生物系统建模等方面具有重要的应用价值。随着生物技术的发展,人们用大肠杆菌等实现了部分膜计算模型。最后,展望了膜计算在生物学、医学、大规模数据存储、大规模并行计算等方面的应用前景。

【关键词】 细胞,DNA分子,膜计算

DOI 10.3969/j.issn.1000-3045.2014.01.013

1 引言

半个多世纪以来,电子计算机快速发展的基础主要是基于硅材料微电子技术。微电子技术的发展与进步,主要是靠工艺技术的不断改进,使得器件的特征尺寸不断缩小,集成度不断提高,功耗降低,器件性能得到提高。目前微电子工艺已进入纳米时代,当集成电路的线宽小于10nm以后,来自器

件工作原理、工艺技术、制造成本等方面将形成难以克服的挑战,这种挑战被称为微电子技术的“极限”。微电子技术理论上的极限来自光传输速度、量子力学的测不准原理和热力学第二定律。基于技术和理论上的极限考虑,人们探索新的非硅基计算技术,这方面的探索包括生物计算、量子计算、光计算和超导计算等。本文介绍和展望基于

* 基金项目:国家自然科学基金重点项目(61033003)和国家自然科学基金重大合作项目(61320106005)
修改稿收到日期:2014年1月2日

细胞的生物计算模型和算法。

细胞是一切生物体结构和功能的基本单位。细胞是一个独立有序的、能够进行自我调控的结构与功能体系,具有一整套完整的装置以满足自身代谢的需要。各种组织都是以细胞为基本单位来执行特定的功能,整个机体的新陈代谢活动都是以细胞为单位协调进行的^[1]。如果将细胞的生物过程理解成一种“计算”,那么细胞就是一个计算单元,组织就是由细胞互联而成的分布式并行计算系统。

细胞膜在细胞的结构和功能中起着重要的作用。细胞膜由磷脂双分子层组成,其上镶嵌有各种类型的膜蛋白以及与膜蛋白结合的糖和糖脂。作为细胞结构中分隔细胞内、外不同介质和组成成份的界面,细胞膜是细胞与周围环境和细胞与细胞间进行物质交换和信息传递的重要通道,通过其上的孔隙和跨膜蛋白的某些特性,达到有选择性的、可调控的物质运输作用。真核细胞的细胞器(如:细胞核、核糖体、高尔基体、粒线体等)由膜包裹,形成相对独立的生化反应或信息处理的单元,这些单元之间通过膜的选择性、可调控运输实现信息的交换。因此,单个细胞本身就是一个分布式并行计算系统。

细胞中的脱氧核糖核酸(DNA)是一种长链聚合物,组成单位称为核苷酸,而糖类与磷酸借由酯键相连,组成其长链骨架。每个糖单位都与4种碱基里的其中一种相接,这些碱基沿着DNA长链所排列而成的序列,可组成遗传密码,是蛋白质氨基酸序列合成的依据。DNA的主要功能是遗传信息存储,引导生物发育与生命机能运作。人类细胞中最大的1号染色体中,DNA分子有2.2亿个碱基对^[2],DNA分子伸展开来的长度约为几个厘米,染色体通过折叠盘绕被压缩到只有几个微米长。由此可见,作为信息载体,DNA分子具有存储容量大、密度高的特点。

从上述细胞的介绍可以看出,细胞是天然的分布式并行计算单元,细胞内的DNA分子是大容

量、高密度信息存储的理想载体。基于细胞的这些特性,1998年,柏温(G.Păun)建立了基于单个细胞的计算模型^[3],由此发展起来的研究领域被称为膜计算(membrane computing)。

2 膜计算理论及应用

作为计算机科学的新研究领域,膜计算受到许多学者的重视。2003年,膜计算被Thompson科学信息所(ISI)评为计算机科学领域快速发展的新兴领域之一(<http://esi-topics.com>)。经过10多年的发展,膜计算领域已有2 000余篇学术论文,8部专著,40余卷国际会议论文集,20余本国际期刊专刊,30余篇博士论文,其中包括6篇中文博士论文。国际学术界专门组织了两个膜计算系列会议:膜计算会议(Conference on Membrane Computing)和膜计算研讨会(Brainstorming Week on Membrane Computing)。总之,膜计算研究非常活跃,基于细胞进行计算的基本理论已形成。

2.1 膜计算模型

在定义计算模型时,通常需要定义它的数据结构、数据结构的相关操作、计算设备的体系结构以及计算和计算结果。在膜计算模型中体系结构为膜的结构以及膜所分割成的区域(由膜的结构抽象而来);数据结构通常为多重集(表示化学反应的物质);数据操作包括多重集重写(物质的变化,如大分子分解成小分子)等;对多重集操作而产生的一系列格局的转移定义为计算;计算的结果有多种定义方式,如以膜计算系统排出的物质总量为计算结果,或者以特定事件发生的时间间隔为计算结果。

目前,膜计算模型主要有3类:细胞型膜计算模型、组织型膜计算模型和神经型膜计算模型。这3类模型分别是基于单细胞的结构和功能、组织中的细胞群以及神经元细胞而建立起来的分布式并行计算模型。这3类模型都被证明具有不弱于图灵机的计算能力,而且理论上仅需较少的生物资源就能构造出这样的计算设备。

2.1.1 细胞型膜计算模型

基于单细胞的膜计算模型具有图1所示的分布式嵌套结构(细胞膜将细胞内部的各种细胞器,如细胞核、线粒体、高尔基体、液泡分隔开来,形成相对独立的区域,细胞就是在这些区域中处理化学物质),从生物系统抽象而来的信息处理规则。

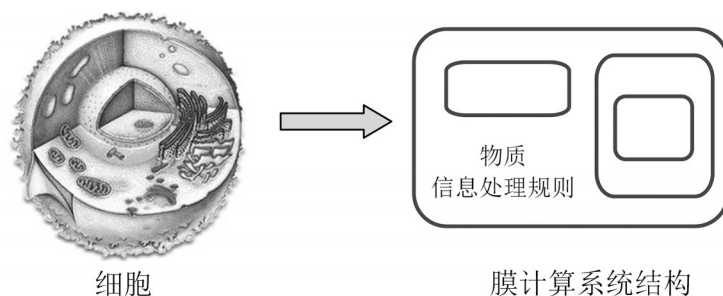


图1 基于单细胞的膜计算模型示意图

(i) $[a \rightarrow v]_h$

(由细胞中大分子分解成小分子等物质发生变化的生物现象抽象而来);

(ii) $[a]_h \rightarrow v$

(由细胞膜溶解的生物现象抽象而来);

(iii) $[a]_h \rightarrow []_h b$

(由细胞内分子通过膜蛋白通道到达细胞外的生物现象抽象而来);

(iv) $a []_h \rightarrow [b]_h$

(由细胞外分子通过膜蛋白通道到达细胞内的生物现象抽象而来);

(v) $[a]_h \rightarrow [b]_i [c]_k$

(由细胞分裂的生物现象抽象而来)。

在由上述结构和规则组成的计算模型中,一系列的细胞状态转移即为计算,细胞的特定状态被视为停机状态,此时细胞膜中的物质或计算过程中排出细胞膜外的物质对应计算结果。该模型被证明具有不弱于图灵机的计算能力,而且在求解组合判定问题方面显示了良好的计算性能^[4]。

从生物、数学、计算机等多个角度,学者们对单细胞膜计算模型进行了理论研究,并提出了各种扩展型的单细胞膜计算模型。物质交换是基本的生命现象,马丁韦德(Martin-Vide)等人建立了基于浓度的物质交换膜计算系统^[5];柏温(G.Păun)等人把催化剂的概念应用到膜计算系统中^[6];基于化学

反应的强烈程度的考虑,建立了进化规则有优先次序的膜计算系统^[7];在上述单细胞膜计算模型中,电荷起了重要作用,但是电荷的频繁变化并不符合生物细胞的真实情况,工程上不容易实现,而且从计算的角度看使用了大

量的计算资源,阿图姆(Artiom)和潘林强等人建立了电荷相对稳定的膜计算系统,并对其计算能力进行了研究^[8,9]。

2.1.2 组织型膜计算模型

细胞与细胞通过物理接触,在细胞之间形成蛋白质通道,分子可以从一个细胞转移到另一个细胞,从而构成细胞通信网络^[10]。基于此生物机理,柏温(G.Păun)等人建立了组织型膜计算模型^[11];细胞自由分布在同一个环境中,也就是说,膜结构与图论中的无向图相对应(图2);细胞和环境含有物质的多重集;细胞之间或者细胞与环境之间的通信通过同向/异向转运规则完成(图3);计算从细胞群体的初始状态开始,在计算过程中,以非确定最大并行的方式使用计算规则,当计算停止时,输出细胞中物质的数目即为计算结果。

虽然组织型膜计算模型的提出比单细胞型细胞膜计算模型要晚,对其研究也不及后者深入,但是此类多细胞组成计算网络的计算模型仍然引起学者们相当大的兴趣。



中国科学院

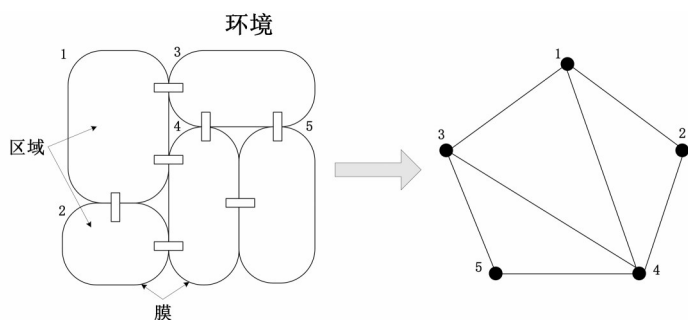


图2 组织型膜计算模型结构以及相应数学表示示意图

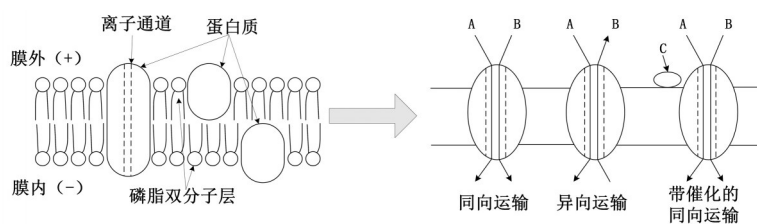


图3 组织型膜计算模型中通讯规则示意图

弗莱德(R.Freund)等人将通道状态的概念引入到类组织膜计算系统中^[12]。博纳蒂尼(F. Bernardini)建立了群体膜计算模型,在该模型中,细胞间的通道形成具有动态性,而且细胞可以分裂,产生新细胞,细胞也可以被溶解^[13]。

2.1.3 神经型膜计算模型

神经计算是计算机科学的传统领域,有着相当长的研究历史,在模式识别等领域有重要应用。最近出现了第三代神经计算模型,使用脉冲的时间序列编码信息。受这种思想的影响,尤纳苏(M.Ionescu)等人建立了神经型膜计算模型(也称脉冲神经P系统)^[14]。由于神经型膜计算模型具有良好的计算性能,同时也较好地模拟了生物神经系统的某些机理,受到许多学者的关注。

卡瓦列利(Cavaliere)等人研究了异步神经型膜计算模型,证明在使用扩展激发规则的情况下,异步神经型膜计算模型具有不弱于图灵机的计算能力;在使用标准规则的情况下,异步神经型膜计算模型的能力问题尚未解决^[15]。潘林强课题组研究了异步神经型膜计算模型语言生成能力^[16];证明了一类神经元足以构造出具有图灵计算能力的

计算模型^[17];解决了环境对计算模型影响的问题,构造出了对环境影响具有容错能力的神经型膜计算模型^[18]。

2.2 膜计算算法

膜计算模型具有基于细胞分裂等机理的自我增加计算空间的能力。因此,通过空间换时间,模型能在有效时间内求解计算困难问题。文献[19]第7章讲述了如何用膜分裂生成计算空间,如何用空间换时间技术来有效求解计算困难问题。然而,此类用空间换时间来有效求解计算困难问题的算法依赖于膜算法的物理或生物实现。目前在电子计算机上实现此类膜算法,显然缺乏足够多的处理器;而且用空间换时间很可能不能从根本上解决计算困难问题。

基于膜算法如何实现的考虑,2004年,西田(Nishida)提出近似膜计算算法^[20],该算法充分使用膜分割成的区域、区域中的多重集、区域中演化规则、膜之间的通讯、规则的并行迭代、膜的动态重构等特性。近似膜算法是一类分布式演化算法,将传统近似算法与膜系统的良好特性结合起来,改进了传统优化算法的不足,实验证明膜算法在解决复杂问题时比传统的近似算法更有效^[21-23]。

2.3 膜计算应用

膜计算模型最初是为计算目的而建立。在近10年发展中,膜计算在生物学、医学、语言学、计算机图形学、经济学、机器人控制器、优化理论、密码学等领域显示了应用价值。作为第三代神经计算模型,脉冲神经膜系统在图像识别中有着良好的应用。2006年,帕里斯-吉梅内斯(Pérez-Jiménez)建立了具有学习机制的脉冲神经膜系统^[24]。2013年,脉冲神经膜系统被用于识别图像^[25]。经济学应用方面,柏温(G. Păun)构造了数值膜系统与酶催化数值膜系统,这两类系统可用于经济系统建模,分析经济系统的动态演化^[26-28]。值得一提的

是,酶催化数值膜系统在机器人控制领域也有重要应用价值^[29, 30]。这类基于细胞功能设计的机器人控制器,被形象地称为“膜控制器”(membrane controller)。另外,膜计算在生物系统建模方面也有成功的应用。2006年, Springer 出版了一本关于膜计算应用的专辑^[31],书中用膜计算模型对多个生物系统进行了建模:高导率机械敏感蛋白通道(protein mechanosensitive channels of high conductance)的建模(书中第2章),细菌繁殖过程的建模(第4章),免疫系统的建模(第5章),光合作用的建模(第6章),信号通道的建模(第7章)。西班牙里耶达大学(University of Lleida)的玛丽亚(Maria)课题组成功地将膜计算应用于生态建模^[32-34]。

3 膜计算模型的工程实现

研究构造通用膜计算模型所需资源问题对于计算模型的生物或物理实现有理论指导意义,这里的生物资源指的是膜的数量,膜中包含的物质数量,规则的复杂度和数目等。

在人工神经网络研究中,希格尔曼(Siegelmann)和桑泰格(Sontag)曾经构造过一个由886个神经元组成的通用人工神经网络模型^[35]。建立膜计算模型的时候,较好地考虑了细胞的生物特性,构造通用计算模型的生物资源一般较少,有利于模型的生物实现。柏温(G.Păun)等人构造了由84个神经元组成的神经型膜计算模型^[36];通过模型的改进和优化编码,神经元数目减少到67个^[37];基于生物神经回路的原理,通过引入脉冲信息的过滤和信息反馈,最近的研究表明:10个神经元就能构造出通用神经型膜模型^[38]。与文献[35]中的886个神经元相比,通用神经型膜计算模型所需的神经元数目大大减少,有利于工程实现。

如何工程实现是膜计算研究中非常重

要的方面,这方面的研究进展很大程度上依赖于生物实验技术的发展。膜计算模型的工程实现尚处于起步阶段。

维斯(Weiss)等人构造了细胞组份来执行AND, NOT, IMPIES等逻辑函数,然后将这些组份组装成基因电路来实现逻辑计算。这些基因电路使用了mRNA,绑定了DNA的蛋白质、小分子以及用于调控蛋白表达的DNA模体^[39, 40]。神原(Sakakibara)等人用长度编码方法来执行有穷自动机,用大肠杆菌实现了有穷自动机的功能,当用生物分子编码的输入串被执行有穷自动机功能的大肠杆菌所接受时,大肠杆菌发出蓝光,否则不发出蓝光^[41, 42]。巴格德纳(Baumgardner)等人用基因电路对细菌进行编程,使得细菌能搜索有向图中的所有可能的路;使用了两个不同的基因编码红色和绿色荧光蛋白,这两个荧光蛋白用来报告搜索的结果。如果存在哈密尔顿路,则这两个荧光蛋白同时表达,菌落为黄色;否则菌落为非黄色^[43]。

4 展望

膜计算模型基于细胞的结构和功能,是一类分布式的并行计算模型。近似膜算法可用于优化计算,在电子计算平台上实现,这一点与传统的并行遗传算法等很相似。但是,膜计算研究的目标是自底向上构造全新的计算模型,因此,在今后的研究中,膜计算模型的工程实现是一个很重要的课题。膜计算模型在生物系统建模等方面显示了应用价值。膜计算的应用需要多学科的研究人员参与,通过应用问题的研究将为膜计算的发展提供更多的有价值的研究方向。

膜计算的发展与生物技术的进步有着密切的关系。一方面,生物技术的不断发展与革新,为实现“细胞计算”装置提供技术的支持。另一方面,膜计算的研究为合成生物学提供生物模型,甚至功能单元^[44]。



中国科学院

膜计算模型是一个输入输出系统。特殊设计的膜计算模型,工程实现后可以作为生物传感器使用,让其监控患者的新陈代谢;报告健康问题并实施治疗等。这在生物检测、疾病诊断方面有重要的应用价值。例如,一名乳腺癌高危患者或许可以考虑植入编程后“智能细胞”,这种“智能细胞”识别出可以指示癌症的分子并且产生蛋白质杀死制造这些分子的细胞^[45]。当然,研制出实用的“智能细胞”还有很长的路要走,需要多学科的研究人员共同探索。

膜计算有望在大规模存储、大规模并行计算方面发挥其优势。Harvard大学的Church团队将一本包含53 426个单词、11张图像和1个JavaScript程序的书写入了DNA中^[46],欧洲生物信息研究所的Goldman团队将一段26秒钟长的马丁·路德·金“我有一个梦想”演讲录音、一篇关于DNA结构的经典学术论文的PDF文件、莎士比亚十四行诗全篇、一张欧洲生物信息研究所大楼的彩色照片、一段这次试验使用的软件算法写入了DNA中^[47],使用Goldman团队的方法,一克重的DNA可以存储2.2PB信息量。

膜计算与传统电子计算机的混杂技术将拓宽电子计算机的使用范围。如,黏液菌和电子设备的联合将电子通讯的速度和黏液菌的学习能力集成于一体。这种混杂技术处理信息的方式不像计算机而更像大脑,它能够通过学习获得成长,这使它既能解决生物学的问题,也能解决计算机科学的问题^[48,49]。

对膜计算感兴趣的读者,在膜计算网站(<http://ppage.psystems.eu/>)上可以找到一些有用信息,或者参考膜计算手册^[50]。

参考文献

- 1 Alberts B, Johnson A, Lewis J et al. Molecular Biology of the Cell. New York: Garland Science, 2002.
- 2 Gregory S G, Barlow K F, McLay K E et al. The DNA sequence and biological annotation of human chromosome 1. Nature, 2006, 441 (7091): 315-321.

- 3 Păun G. Computing with membranes. Journal of Computer and System Sciences, 2000, 61(1): 108-143 (first circulated as TUCS Research Report, No. 208, November 1998, <http://www.tucs.fi>).
- 4 Păun G. P systems with active membranes: attacking NP complete problems. Journal of Automata, Languages and Combinatorics, 2001, 6(1): 75-90.
- 5 Martin-Vide C, Păun A, Păun G. On the power of P systems with symport rules. Journal of Universal Computer Science, 2002, 8(2): 317-331.
- 6 Păun G, Yu S. On synchronization in P systems. Fundamenta Informaticae, 1999, 38(4): 397-410.
- 7 Dassow J, Păun G. On the power of membrane computing. Journal of Universal Computer Science, 1999, 5(2): 33-49.
- 8 Alhazov A, Pan L, Păun G. Trading polarizations for labels in P systems with active membranes. Acta Informatica, 2004, 41(2): 111-144.
- 9 Alhazov A, Pan L. Polarizationless P system with active membranes. Grammar, 2004, 7(1): 141-159.
- 10 Loewenstein W R. The touchstone of Life: Molecular Information, Cell Communication, and the Foundation of Life. Oxford: Oxford University Press, 1999.
- 11 Martin-Vide C, Păun G, Pazos J. Tissue P systems. Theoretical Computer Science, 2003, 296(2): 295-326.
- 12 Freund R, Păun G, Pérez-Jiménez M J. Tissue P systems with channel states. Theoretical Computer Science, 2005, 330(1): 101-116.
- 13 Bernardini F, Gheorghe M. Population P systems. Journal of Universal Computer Science, 2004, 10(5): 509-539.
- 14 Ionescu M, Păun G, Yokomori T. Spiking neural P systems. Fundamenta Informaticae, 2006, 71(2-3): 279-308.
- 15 Cavaliere M, Egecioglu O, Ibarra O H et al. Asynchronous spiking neural P systems. Theoretical Computer Science, 2009, 410(24-25): 2352-2364.
- 16 Zhang X, Zeng X, Pan L. On string languages generated by asynchronous spiking neural P systems. Theoretical Computer Science, 2009, 410: 2478-2488.
- 17 Zeng X, Zhang X, Pan L. Homogeneous spiking neural P

- systems. *Fundamenta Informaticae*, 2009, 97: 1-20.
- 18 Pan L, Zeng X, Zhang X. Time-free spiking neural P systems. *Neural Computation*, 2011, 23: 1320-1342.
 - 19 Păun G. *Membrane computing: an Introduction*. Berlin: Springer-Verlag, 2002.
 - 20 Nishida T Y. An application of P systems: a new algorithm for NP-complete optimization problems. In the Proceedings of the 8th World Multi-Conference on Systems, Cybernetics and Informatics, 2004, 109-112.
 - 21 Nishida T Y. Membrane algorithm with brownian subalgorithm and genetic subalgorithm. *International Journal of foundations of computer science*, 2007, 18: 1353-1360.
 - 22 Nishida T Y, Shiotani T, Takahashi Y. Membrane algorithm solving job-shop scheduling problems. In the Pre-Proceedings of the 9th Workshop on Membrane Computing, Edinburgh, UK, 2008, 363-370.
 - 23 Zhang G, Gheorghe M, Wu C. A quantum-inspired evolutionary algorithm based on P systems for knapsack problem. *Fundamenta Informaticae*, 2008, 87(1): 93-116.
 - 24 Gutiérrez-Naranjo M A, Pérez-Jiménez M J. A first model for Hebbian learning with spiking neural P systems. In the Proceedings of the 6th Brainstorming Week on Membrane Computing, 2008, 211-233.
 - 25 Díaz-Pernil D, Peña-Cantillana F, Gutiérrez-Naranjo M A. A parallel algorithm for skeletonizing images by using spiking neural P systems. *Neurocomputing*, 2013, 115(4): 81-91.
 - 26 Păun G, Păun R. Membrane computing and economics: numerical P systems. *Fundamenta Informaticae*, 2006, 73(1): 213-227.
 - 27 Pavel A, Arsene O, Buiu C. Enzymatic numerical P systems: a new class of membrane computing systems, In the Proceedings of the 5th IEEE International Conference on Bio-Inspired Computing: Theories and Applications, 2010, 1331-1336.
 - 28 Păun G, Păun R. Membrane computing as a framework for modeling economic processes. In the Proceedings of IEEE the 7th International Symposium on Symbolic and Numeric Algorithms for Scientific Computing, 2005, 8.
 - 29 Pavel A B, Buiu C. Using enzymatic numerical P systems for modeling mobile robot controllers. *Natural Computing*, 2012, 11(3): 387-393.
 - 30 Buiu C, Vasile C, Arsene O. Development of membrane controllers for mobile robots. *Information Sciences*, 2012, 187: 33-51.
 - 31 Ciobanu G, Păun G, Pérez-Jiménez M J. *Applications of membrane computing*. Berlin: Springer-Verlag, 2006.
 - 32 Angels Colomer M, Margalida A, Pérez-Jiménez Mario J. Population dynamics P system (PDP) models: a standardized protocol for describing and applying novel bio-inspired computing tools. *PLoS One*, 2013, 8(4): p. e60698.
 - 33 Margalida A, Angels Colomer M. Modelling the effects of sanitary policies on European vulture conservation. *Scientific Reports* 01/2012,2:753.
 - 34 Angels Colomer M, Margalida A, Sanuy D et al. Pérez-Jiménez. A bio-inspired computing model as a new tool for modeling ecosystems: the avian scavengers as a case study. *Ecological Modelling*, 2011, 222(1): 33-47.
 - 35 Siegelmann H T, Sontag E D. On the computational power of neural nets. *Journal of Computer and System Sciences*, 1995, 50(1): 132-150.
 - 36 Păun A, Păun G. Small universal spiking neural P systems. *BioSystems*, 2007, 90(1): 48-60.
 - 37 Zhang X, Zeng X, Pan L. Smaller universal spiking neural P systems. *Fundamenta Informaticae*, 2008, 87(1): 117-136.
 - 38 Pan L, Zeng X. A note on small universal spiking neural P systems. In the Pre-proceedings of 10th Workshop on Membrane Computing, 2009, 464-475.
 - 39 Weiss R, Basu S, Hooshangi S et al. Genetic circuit building blocks for cellular computation, communications, and signal processing. *Natural Computing*, 2003,



- 2: 47-84.
- 40 Weiss R, Knight T, Sussman G. Genetic process engineering. In: Amos M eds., Cellular computing. Oxford: Oxford University Press, 2004, 42-72.
- 41 Nakagawa H, Sakamoto K, Sakakibara Y. Development of an in vivo computer based on Escherichia coli. In the Proceedings of the 11th International Meeting on DNA based Computers. London, Ontario, 2005, 68-77.
- 42 Sakakibara Y, Nakagawa H, Nakashima Y et al. Implementing in vivo cellular automata using toggle switch and inter-bacteria communication mechanism. In the Proceedings of workshop on computing and communications from biological systems, Budapest, Hungary, 2007.
- 43 Baumgardner J, Acker K, Adefuye O. Solving a Hamiltonian path problem with a bacterial computer. Journal of Biological Engineering, 2009, 3(11). Doi:10.1186/1754-1611-3-11.
- 44 Special Issue-Synthetic Cell Biology. Trends in Cell Biology, 2012,22(12): 611-692.
- 45 Ausländer Simon, Ausländer David, Müller Marius et al. Programmable single-cell mammalian biocomputers, Nature, 2012,487: 123-127.
- 46 Goldman N, Bertone P, Chen S et al. Towards practical, high-capacity, low-maintenance information storage in synthesized DNA, Nature, 2013, 494: 77-80.
- 47 Church G M, Gao Y, Kosuri S. Next-generation digital information storage in DNA, Science, 2012, 337(6102): 1628.
- 48 Adamatzky A. Towards slime mould colour sensor: Recognition of colours by Physarum polycephalum. Organic Electronics, 2013, 14 (12): 3355-3361.
- 49 Whiting J, Costello B L, Adamatzky A. Towards slime mould chemical sensor: Mapping chemical inputs onto electrical potential dynamics of Physarum Polycephalum. Sensors and Actuators B: Chemical, 2014, 191: 844-853.
- 50 Păun G, Rozenberg G, Salomaa A. Handbook of Membrane Computing. Oxford: Oxford University Press, 2010.

State-of-the-Art in Cell-based Computing and Its Future

Pan Linqiang Song Tao

(School of Automation, Huazhong University of Science and Technology, Wuhan 430074, China)

Abstract Cells are known as the basic structural and functioning units of living organisms, which preserve rich sources of intelligent of nature. The external membrane of a cell separates the interior of the cell from the outside environment, controlling the movement of substances in and out of the cell, while the internal membranes separate the cell into several functioning organisms that are associated with specific biological functions. In this way, cells can be understood as distributed parallel information processing devices. In this paper, we introduce cell-based computing, including the background, the basic structure and function of cells, and the state-of-the-art in cell-based computing. The field of cell-based computing is also called membrane computing. There are three main classes of computing models in this field: cell-like membrane computing model, tissue-like membrane computing model, and neuron-like membrane computing model. Membrane computing shows valuable applications in modeling biological systems, etc. With the development of biological technology, membrane computing models are implemented in Escherichia coli, etc., though the size is limited. We discuss the future of membrane computing including the potential applications in biology and medicine. Especially, we point out that membrane computing has potential advantages in the store of big data and massively parallel computing.

Keywords cell, DNA molecule, membrane computing

潘林强 华中科技大学自动化学院教授,博导,中国电子学会图论与系统优化专业委员会副理事长,湖北省运筹学学会副理事长。2000年,获南京大学博士学位;2002年华中科技大学博士后出站,留校任教;2005年入选教育部新世纪优秀人才计划。主要研究方向包括生物计算(DNA计算和膜计算)、生物信息处理。2007年,“非传统高性能计算中的生物计算理论”获湖北省自然科学奖一等奖(排名第二)。先后主持5项国家自然科学基金面上项目、1项国家自然科学基金重点项目、1项国家自然科学基金重大国际合作项目、3项教育部博士点基金项目、1项湖北省杰出青年基金项目。发表期刊论文70多篇,编辑专辑8本。E-mail:lqpan@mail.hust.edu.cn

(接82页)

信息技术科学部(7人)

姓名	年龄	专业	工作单位
王立军	66	光电子学	中科院长春光学精密机械与物理所
王巍	46	导航、制导与控制	中国航天科技集团公司第九研究院
尹浩	53	通信网络与信息系统	中国人民解放军总参谋部第六十一所
吕建	53	计算机软件	南京大学
郝跃	55	微电子学	西安电子科技大学
龚旗煌	48	非线性光学、超快光子学	北京大学
谭铁牛	49	模式识别与计算机视觉	中科院自动化所

技术科学部(9人)

姓名	年龄	专业	工作单位
丁汉	49	机械电子工程	华中科技大学
方岱宁	55	固体力学	北京大学
成会明	49	材料科学与工程	中科院金属所
刘维民	50	润滑材料与技术	中科院兰州化学物理所
李应红	50	航空推进技术	中国人民解放军空军工程大学
邱勇	48	有机光电材料	清华大学
何满潮	57	矿山工程岩体力学	中国矿业大学(北京)
金红光	56	工程热物理	中科院工程热物理所
高德利	55	油气钻探与开采	中国石油大学(北京)



中国科学院