

IMPACTUL CERCETĂRII

1. Sunt inițiatorul calculului cu ajutorul rețelelor de procesoare inspirate de evoluția genomului sau de recombinarea ADN-ului. Am introdus în [1] (varianta ca mecanism generativ) și [2] (varianta ca mecanism de acceptare) rețelele de procesoare evoluționiste iar în [3] rețelele de procesoare splicing. În ambele modele, procesul de calcul este similar altor modele de inspirație biologică și se bazează pe un imens paralelism. Astfel, se obțin modele de calcul universale. Mai mult, aceste modele sunt capabile să rezolve probleme **NP**-complete în timp polinomial. În acest context, rezultatele din [4, 5] și [6, 7], unde se construiesc rețele de procesoare evoluționiste sau splicing cu topologie fixă și număr de procesoare fixat ce pot simula orice mașină Turing sau rezolva eficient orice problemă **NP**-completă, reprezintă un pas important spre o ipotetică implementare hardware a acestor modele. Am obținut caracterizări ale unor clase de complexitate binecunoscute precum **P**, **NP**, **PSPACE** cu aceste modele.

Subiectul a atras deja atenția mai multor cercetători din Germania, Ungaria, Italia, Franța, România, India, Spania, Austria, Finlanda, Moldova. S-a obținut finanțarea mai multor proiecte de cercetare dedicate acestui model în țară și străinătate (a se vedea lista de proiecte). De exemplu, în Spania trei astfel de proiecte, fiecare de trei ani, cu participarea universităților din Madrid (Politehnica și Complutense), Tarragona, Valencia au primit finanțare.

Aceste modele au constituit și încă mai constituie unul din subiectele de pe agenda unor conferințe internaționale (ICAART, IWINAC, ECAL-Workshop, ForLing), școli internaționale de vară. Teze de doctorat în țară (2) și străinătate (Spania (4), India (2)) au fost dedicate rețelelor de procesoare de tip bio-celular. Aceste teze aduc contribuții importante atât teoretice cât și practice. Unele teze propun implementări software în JAVA (Universitatea Complutense din Madrid, Universitatea Politehnică din Valencia) a acestor rețele în timp ce altele propun implementări hardware pe procesoare multicore (Universitatea Politehnică din Madrid).

În acest moment, există peste 100 de lucrări dedicate acestor modele iar numărul citărilor (fără autocitări) lucrărilor menționate mai sus a depășit 250.

Aș dori să menționez și o linie de cercetare pe care am deschis-o recent și care extinde modelele discutate anterior la procesarea imaginilor. Deja o teză de doctorat conține rezultate în această direcție.

2. Lucrarea mea [8], publicată în 1989 într-o revistă de largă vizibilitate, este considerată o lucrare de pionierat în domeniul sistemelor de gramatici, autorii fiind considerați printre inițiatorii unei clase de sisteme de gramatici și anume sistemele de gramatici distributive și cooperante. Deși numele modelului nostru este diferit, în același an a fost publicată o altă lucrare care propune acest nume și care tratează mai general modelul. Rezultatele obținute în lucrarea noastră sunt obținute independent și prin alte tehnici. Teoria sistemelor de gramatici constituie o nouă ramură a teoriei limbajelor formale intens studiată (peste 500 de lucrări) în România, Ungaria, Germania, Slovacia, Finlanda, Olanda, Austria, USA, Polonia, Cehia, Spania, Japonia, Canada, Italia, Franța, Canada.

Lucrarea a fost și este citată în numeroase lucrări și în toate monografiile sau capitolele dedicate acestei arii de cercetare. Câteva teze de doctorat în țară și străinătate (Finlanda, Ungaria, Germania) au fost dedicate sistemelor de gramatici distributive și cooperante. De remarcat și un număr consistent de lucrări de licență având ca subiect aceste sisteme de gramatici.

Într-un sistem de gramatici, există un protocol de cooperare și o unică strategie pentru fiecare componentă. În [9] am propus sistemele de gramatici hibride (fiecare componentă a sistemului are propria strategie) care au atras imediat atenția cercetătorilor din domeniu, rezultatele din lucrarea mea fiind citate și extinse la multe alte clase de sisteme de gramatici. Împreună cu lucrarea mai sus menționată, cele două lucrări sunt considerate ca lucrări ce au deschis noi direcții de cercetare în teoria sistemelor de gramatici.

3. Co-inițiator al teoriei sistemelor de automate care se constituie în partea reciprocă, de acceptare a limbajelor, a sistemelor de gramatici, la fel de bine motivată de elemente din inteligența artificială, psihologia cunoașterii, problem-solving, mai recent și din ceea ce se

numește "viață artificială", o abordare ce s-a dovedit de mare interes pentru cercetarea matematico-informatică. Lucrările mele [10, 11] și [12] consideră pentru prima dată sistemele distribuite de automate și, respectiv, sistemele paralele de automate.

Subiectului i-au fost deja dedicate mai multe lucrări de autori români și străini. În continuare, la peste 15 ani de la introducerea lui, domeniul oferă o multitudine de probleme deschise și direcții de cercetare, chiar în ultimii 3 ani fiind publicate o serie de lucrări dedicate acestui domeniu.

4. Modele de calculabilitate bazate pe operații specifice comportării "in vivo" sau "in vitro" a ADN-ului sau ARN-ului: operațiile de *inversiune*, *duplicare*, *transpoziție*, *inserare*, *ștergere* în secvențele de ADN au fost considerate într-o serie de lucrări în colaborare [13, 14]. Se pare că sunt primul informatician român care publică o lucrare de informatică teoretică într-o revistă ca *BioSystems* ([13]) sau *Comparative and Functional Genomics* [15]. Am susținut comunicări pe aceste teme la conferințe comune de biologie și informatică. Două teze de doctorat inspirate de aceste lucrări au fost susținute în străinătate.

Am primit invitații de conferențiere asupra rezultatelor mele în acest domeniu de la universități din străinătate. Am susținut cursuri în programele de doctorat ale universităților din Sevilla și Madrid (15 ore) în care am prezentat aceste rezultate. Monografia menționată în lista de lucrări sistematizează majoritatea rezultatelor obținute în această arie de cercetare.

5. Am contribuit la dezvoltarea unei arii de cercetare foarte dinamică ce se ocupa cu "bio-operații" adică operații formale inspirate din biologie definite pe secvențe finite și infinite de simboluri. Menționez mai jos câteva din aceste contribuții :

- Deși lucrarea [16] în care am introdus operația de completare "hairpin" a apărut într-o publicație relativ fără vizibilitate, operația a fost primită cu real interes de comunitatea științifică. Peste 60 de lucrări au fost dedicate acestei operații, iar interesul nu scăzut nici acum, când încă se publică rezultate care fie îmbunătățesc rezultate anterioare fie tratează probleme rămase deschise. În lucrări ulterioare am propus atât rezultate referitoare la limbajele obținute cât și algoritmi și structuri de date pentru calculul anumitor distanțe între cuvintele obținute prin hairpin. Aceste rezultate, care au fost citate de peste 100 de ori, au fost incluse în *Handbook of Natural Computing*. Teze de doctorat generate de aceste lucrări au fost susținute în România, Germania, Canada. Am fost invitat pentru a ține prelegeri și lecții în programe de doctorat la Universitatea din Milano-Bicocca, Universitatea Politehnică din Madrid, Universitatea din Potsdam. Algoritmii dezvoltați au fost prezentați în conferințe invitate în Japonia (Kyoto, Tokyo), Italia (Roma, Pisa), Finlanda (Turku), Spania (Valencia).
- O serie de contribuții la studiul formal al operațiilor de "splicing" și "crossover" care modelează formal recombinarea secvențelor ADN. Am introdus mai multe tipuri de mecanisme generative bazate pe splicing, folosind un număr finit de reguli de splicing cu aplicare controlată. Operația de splicing a revenit recent în atenția cercetătorilor, printre noile dezvoltări numărându-se și sistemele splicing de acceptare [17], introduse e mine, unde pentru prima dată sistemele splicing nu sunt privite ca mecanisme de generare ci de acceptare.
- Am propus algoritmi de calcul pentru distanța între doi genomi măsurată ca număr de translocății ([18]) care au fost foarte bine receptați de comunitatea științifică. Am prezentat rezultate similare și pentru distanța între genomi măsurată ca număr de duplicări. Alte cercetări în această direcție sunt în plină desfășurare.
- Anul recut am introdus o nouă operație inspirată din biologie, duplicarea prefix-suffix. Deja a primit atenția comunității internaționale, cercetători din Marea Britanie, Germania, România, Italia publicând rezultate care citează lucrarea noastră. Se pare că algoritmii și structurile de date pe care le-am propus au o largă aplicabilitate la probleme similare.

6. Sunt unul dintre cercetătorii recunoscuți pentru contribuția de dezvoltarea limbajelor definite prin interpretarea "pattern"-urilor. Am propus moduri de interpretare (simplă, multiplă și ordonată, multiplă și arbitrară, etc.) [19] a pattern-urilor, de definire a limbajelor asociate, algoritmi de recunoaștere. În 1999 am publicat o lucrare ce prezintă în mod sistematic și uniform rezultatele din domeniu de până la acea dată ([20]).

7. Rezultate notabile asupra secvențelor finite și infinite de simboluri. Caracterizări ale secvențelor "self-reading", introducerea și studierea secvențelor "self-adding", caracterizarea morfismelor primitive, etc. De exemplu, în [21] am stabilit o caracterizare completă și elegantă a morfismelor primitive. Ideea propusă în această lucrare a fost extinsă și pentru morfisme care pastrează alte proprietăți ale cuvintelor, toate aceste lucrări citându-mă.

8. În [22] și apoi în [23] am generalizat conceptul de automat cu ponderi sau valențe la automate extinse peste un grup. Noul concept a primit o atenție deosebită, în special din partea algebristilor. Lucrările noastre au fost citate de peste 50 de ori în reviste și teze de doctorat sau de abilitare.

9. Am rezolvat un număr de probleme deschise propuse de alți autori și am propus probleme, formulate în lucrările mele, unele fiind rezolvate de alți cercetători. În continuare voi menționa câteva dintre ele.

Din problemele deschise propuse de alți autori și rezolvate de mine menționez:

- Problema apariției unui cuvânt dat ca subsecvență în secvențele Păun-Salomaa. În caz afirmativ, se poate decide prima sa apariție? Problema a fost formulată într-o lucrare de Păun și Salomaa.
- Caracterizarea codurilor pure. Problema a fost propusă într-o lucrare de H.J. Shyr și G. Thierrin.
- Extinderea automatelor peste alte structuri algebrice (mai precis. grupuri). Problema a fost propusă în mai multe lucrări având ca autori pe Gh. Păun, O. Ibarra, S. Greibach.
- Definirea și studierea unei operații de amestecare sincronizată sugerată într-o serie de lucrări având ca autori pe M. Jantzen, M. Latteux, Y. Roos.

Din problemele propuse de mine și rezolvate sau investigate de alți autori menționez:

- Caracterizarea limbajelor ce se obțin prin completarea hairpin a unui limbaj regulat și complexitatea lor a fost rezolvată de V. Diekert și S. Kopecki în două lucrări. S. Kopecki a rezolvat și problema închiderii unui cuvânt la completarea hairpin iterată.
- Problema regularității închiderii unui cuvânt la duplicare iterată a fost rezolvată de M. Wang.
- Mai multe probleme referitoare la sistemele paralele de automate finite propuse de mine au fost rezolvate într-o serie de lucrări scrise de H. Bordihn, M. Kutrib, A. Malcher.
- Probleme legate de parsarea limbajelor definite de gramaticile cu control pe drumurile în arborele de derivare au fost abordate de M. Cermak, J. Koutny, A. Meduna, R. Stiebe.

Referințe bibliografice

1. J. Castellanos, C. Martín-Vide, V. Mitrana, J. Sempere: Networks of evolutionary processors, *Acta Informatica*, 39(2003), 517-529.
2. M. Margenstern, V. Mitrana, M. Perez-Jimenez: Accepting hybrid networks of evolutionary systems, *Proc. DNA Based Computers 10*, LNCS 3384 (2005), 235-246.
3. F. Manea, C. Martín-Vide, V. Mitrana: Accepting networks of splicing processors, *Computation in Europe CiE 2005*, LNCS 3526 (2005), 300-309.
4. F. Manea, C. Martín-Vide, V. Mitrana: On the size complexity of universal accepting hybrid networks of evolutionary processors, *Mathematical Structures in Computer Science*, 17, 4(2007) 753-771.

5. F. Manea, V. Mitrana: All NP-problems can be solved in polynomial time by accepting hybrid networks of evolutionary processors of constant size, *Information Processing Letters*, 103(2007), 112-118.
6. F. Manea, C. Martín-Vide, V. Mitrana: Accepting networks of splicing processors: complexity results, *Theoretical Computer Science*, 371(2007), 72-82.
7. Florin Manea, Carlos Martín-Vide, Victor Mitrana: All NP-Problems can be solved in polynomial time by ANSP of constant size, *DNA Based Computers DNA 12*, LNCS 4287, Springer Verlag 2006, 47-57.
8. A. Atanasiu, V. Mitrana: The modular grammars. *International Journal of Computer Mathematics*, 30(1989), 17-35.
9. V. Mitrana: Hybrid cooperating/distributed grammar systems. *Computers and Artificial Intelligence*, 12, 1(1993), 83-88.
10. J. Dassow, V. Mitrana: Stack cooperation in multi-stack pushdown automata, *Journal of Computer and System Sciences*, 58(1999), 611-621.
11. E. Csuhaj-Varjú, V. Mitrana, G. Vaszil: Distributed automata systems: computational power, *Developments in Language Theory (DLT 2003)*, Lecture Notes in Computer Science 2710, Springer Verlag, Berlin, 2003, 218-229.
12. C. Martín-Vide, A. Mateescu, V. Mitrana: Parallel finite automata systems communicating by states, *International Journal of Foundation of Computer Science*, 13, 5(2002), 733-749.
13. J. Dassow, V. Mitrana, A. Salomaa: Context-free evolutionary grammars and the structural language of nucleic acids. *BioSystems*, 4(1997) 169-177.
14. J. Dassow, V. Mitrana, A. Salomaa: Operations and language generating devices suggested by the genome evolution, *Theoretical Computer Science*, 270, 1-2 (2002), 701-738.
15. M. Gheorghe, V. Mitrana: A formal language based approach in biology, *Comparative and Functional Genomics* 5 (2004), 91-94.
16. D. Cheptea, C. Martin-Vide, V. Mitrana: A new operation on words suggested by DNA biochemistry: hairpin completion, *Transgressive Computing*, University of Granada, Spain, 2006, 216-228.
17. V. Mitrana, I. Petre, V. Rogojin: Accepting splicing systems. *Theoretical Computer Science*, 411(2010) 2414-2422.
18. C. Martín-Vide, V. Mitrana: A new uniform translocation distance, *Structural, Syntactic, and Statistical Pattern Recognition SSPR 2004*, LNCS 3138 (2004), 278-286.
19. V. Mitrana, Gh. Păun, G. Rozenberg, A. Salomaa: Pattern systems. *Theoretical Computer Science*, 154, 2(1996), 183-201.
20. V. Mitrana: Patterns and languages: An overview, *GRAMMARS*, 2, 2(1999), 149-173.
21. V. Mitrana: Primitive morphisms. *Information Processing Letters*, 64(1997) 277-281.
22. J. Dassow, V. Mitrana: Finite automata over the free generated groups, *International Journal of Algebra and Computation*, 10, 6(2000), 725-738.
23. V. Mitrana, R. Stiebe: Extended finite automata over groups. *Discrete Applied Mathematics*, 108, 3(2001), 247-260.