

СОСТОЯНИЕ И ПЕРСПЕКТИВА РАЗВИТИЯ ДНК-КОМПЬЮТЕРОВ

А.А. Бондарчук, 1 курс

Научный руководитель – Л.П. Володько, к.э.н., доцент

Полесский государственный университет

DNA Logic (Deoxyribonucleic Acid) – это технология ДНК-вычислений, которая сегодня находится в зачаточном состоянии, однако в будущем на нее возлагаются большие надежды. Биологические нанокomпьютеры, вживляемые в живые организмы, пока видятся нам как нечто фантастическое, нереальное. Но то, что

нереально сегодня, уже завтра может оказаться чем-то обыденным и настолько естественным, что трудно будет представить, как без этого можно было обходиться в прошлом.

Итак, ДНК-вычисления — это раздел области молекулярных вычислений на границе молекулярной биологии и компьютерных наук. Основная идея ДНК-вычислений — построение новой парадигмы, создание новых алгоритмов вычислений на основе знаний о строении и функциях молекулы ДНК и операций, которые выполняются в живых клетках над молекулами ДНК при помощи различных ферментов. К перспективам ДНК-вычислений относится создание биологического нанокomпьютера, который будет способен хранить терабайты информации при объеме в несколько микрометров. Такой компьютер можно будет вживлять в клетку живого организма, а его производительность будет исчисляться миллиардами операций в секунду при энергопотреблении не более одной миллиардной доли ватта.

Впервые ДНК-вычисления были с успехом применены в 1994 году Леонардом Эдлеманом (Leonard Adleman), профессором Университета Южной Калифорнии, для решения задачи коммивояжера. Суть ее в том, чтобы найти маршрут движения с заданными точками старта и финиша между несколькими городами (в данном случае семь), в каждом из которых можно побывать только один раз. При масштабировании задачи коммивояжера возникают трудности. ДНК-компьютер Эдлемана искал оптимальный маршрут для 7 узлов. Но чем больше городов надо объехать коммивояжеру, тем больше ДНК-материала требуется биологическому компьютеру. Было подсчитано, что если увеличить количество узлов до 200, то потребовалось бы количество ДНК-молекул, сопоставимое по весу со всей нашей планетой [1].

В 2001 году Эхуд Шапиро реализовал модель биокомпьютера, который состоял из молекул ДНК, РНК (рибонуклеиновая кислота) и специальных ферментов. Для работы биокомпьютера необходимо составить правильную молекулярную смесь. Приблизительно через час смесь самостоятельно порождает молекулу ДНК, в которой закодирован ответ на поставленную перед вычислителем несложную задачу. В этом биокомпьютере ввод и вывод информации, а также роль программного обеспечения берут на себя молекулы ДНК. В качестве же аппаратного обеспечения выступают два белка-энзима естественного происхождения, которые манипулируют нитями ДНК. При совместном замешивании молекулы программного и аппаратного обеспечения гармонично воздействуют на молекулы ввода, в результате чего образуются выходные молекулы с ответом.

Преимуществом ДНК в компьютерных технологиях является то, что для современных процессоров и микросхем в качестве строительного материала используется кремний. Но возможности кремния не беспредельны, и в конечном счете мы подойдем к той черте, когда дальнейший рост вычислительной мощности процессоров окажется исчерпан. А потому перед человечеством уже сейчас остро стоит проблема поиска новых технологий и материалов, которые смогли бы в будущем заменить кремний.

Молекулы ДНК могут оказаться тем самым материалом, который впоследствии заменит кремниевые транзисторы с их бинарной логикой. Достаточно сказать, что всего один фунт (453 г) ДНК-молекул обладает емкостью для хранения данных, которая превосходит суммарную емкость всех современных электронных систем хранения данных, а вычислительная мощность ДНК-процессора размером с каплю будет выше самого мощного современного суперкомпьютера.

Более 10 триллионов ДНК-молекул занимают объем всего в 1 см³. Однако такого количества молекул достаточно для хранения объема информации в 10 Тбайт, при этом они могут производить 10 трлн. операций в секунду.

Еще одно преимущество ДНК-процессоров в сравнении с обычными кремниевыми процессорами заключается в том, что они могут производить все вычисления не последовательно, а параллельно, что обеспечивает выполнение сложнейших математических расчетов буквально за считанные минуты. Традиционным компьютерам для выполнения таких расчетов потребовались бы месяцы и годы.

Недавно ученые впервые использовали метод ДНК кодирования для записи содержимого целой книги. На сегодняшний день это самый большой объем данных, который хранится с использованием искусственного генетического материала. Книга содержит 53000 слов и 11 фотографий. Исследователи утверждают, что затраты на технику ДНК кодирования снижаются так быстро, что в течение ближайших 5-10 лет этот метод может стать дешевле, чем хранение информации в обычных цифровых устройствах. Дезоксирибонуклеиновая кислота, или ДНК, хранит генетические инструкции практически всех известных организмов, имеет внушительный потенциал для хранения данных. Один грамм такого носителя может вместить до 455 миллиардов гигабайт, содержимое более чем 100 млрд DVD-дисков, что делает его идеальным компактным носителем.

Команда исследователей из Гарвардской медицинской школы во главе с профессором Джорджем Черчем (George Church) доказала, что технология хранения данных внутри цепочки ДНК, хотя и медленно, но все же приближается к области практического применения. Журнал "Science" сообщает, что 5,27 мегабит данных, которые они смогли записать внутри ДНК, более чем в 600 раз превышает самый большой набор данных, закодированных таким образом ранее.

Для обеспечения максимальной надежности метода и снижения затрат они избегали создания очень длинных последовательностей кода, так как это обходится гораздо дороже создания множества коротких цепочек ДНК. Данные разбивались на фрагменты, которые могут быть записаны компактно и надежно, а

для облегчения поиска кода каждого раздела информация о фрагментах хранится в специальной адресной книге или каталоге.

По стоимости оборудование для ДНК-моделирования еще недостаточно конкурентоспособно, чтобы сделать его более-менее распространенным. Но эти затраты снижаются гораздо быстрее, чем у электронных аналогов. Например, уже становятся доступны портативные ДНК-секвенаторы и авторы проекта полагают, что это должно значительно упростить системы хранения информации в ДНК. Косури считает что революция ДНК-технологий продолжается. "Мы можем встретить определенные трудности и препятствия, но нет никаких серьезных причин, которые смогли бы остановить этот процесс" [2].

Эдлман продемонстрировал решение задачи поиска гамильтонова пути на примере всего семи городов и потратил на это семь дней. Это был первый эксперимент, продемонстрировавший возможности ДНК-вычислений. Фактически Эдлман доказал, что, пользуясь вычислениями на ДНК, можно эффективно решать задачи переборного характера, и обозначил технику, которая в дальнейшем послужила основой для создания модели параллельной фильтрации.

Сегодня ДНК-вычисления — это не более чем перспективные технологии на уровне лабораторных исследований, причем в таком состоянии они будут находиться еще не один год. Фактически на современном этапе развития необходимо ответить на следующий глобальный вопрос: какой класс задач поддается решению при помощи ДНК и можно ли построить общую модель ДНК-вычислений, пригодную как для реализации, так и для использования?

Список использованных источников

1. Елена Ващилко «ДНК-компьютеры» // Компьютер-Информ [Электрон. ресурс]. – Режим доступа: http://old.ci.ru/inform16_05/p_10.htm .
2. Белорусский интернет-портал [Электрон. Ресурс]. – Режим доступа: <http://news.open.by/it/90016> .
3. Олег Орлов: «ДНК-компьютеры» [Электрон. ресурс]. – 15 ноября 2012. – Режим доступа: <http://geometria.by/blogs/technology/50548> .