

## Биокомпьютер в реальных процессах

Н.А. Кучма

Устройства, преобразующие информацию из одной формы в другую в соответствии с определёнными правилами, называются автоматами. Универсальная машина Тьюринга, давшая импульс к разработке современных компьютеров, как раз и является одним из таких гипотетических устройств. Принцип работы машины Тьюринга и её вариаций, в т.ч. конечных автоматов, заключается в считывании ленты с данными; подобная организация является прямой аналогией с кодирующими информацию биополимерами, что, в свою очередь, послужило основой для создания нескольких ДНК-компьютеров[2,3]. Имевшие место лабораторные опыты с использованием ДНК (с вмешательством человека в процесс) оказались успешными. Это послужило толчком к созданию компьютерных устройств, оперирующих автономно на ДНК-уровне.

Кратко осветим настоящее положение вещей в сфере ДНК-компьютинга, а также его основ. Аппаратная основа (hardware) автомата состоит из ограничивающих нуклеотидов и лигазы, программное обеспечение (software) и вход кодируются двухспиральным ДНК, программирование же сводится к выбору необходимых в конкретном случае молекул программного обеспечения. Смешивая решения, содержащие вышеуказанные компоненты, автомат обрабатывает молекулу входа каскадом ограничения, гибридизацией и лигативными циклами, производя определяемую (фиксируемую) молекулу выхода, способную кодировать конечное состояние автомата, а следовательно определять результат вычисления.

В настоящее время  $10^{12}$  автоматов, работающих на одном и том же молекулярном программном обеспечении, могут функционировать как независимо, так и параллельно в 120 мл раствора при комнатной температуре при общей производительности  $10^9$  преобразований в секунду с точностью

преобразований более 99.8%, потребляя менее  $10^{-10}$  Вт.

Молекулярные компьютеры – это молекулярные узлы, обрабатывающие информацию, закодированную в биомолекулах. Многие внутриклеточные машины, такие как полимеразы, рибосомы и рекомбиназы, можно считать простейшими молекулярными компьютерами. Искусственные молекулярные вычислительные устройства могут применяться в многочисленных областях – начиная с анализа ДНК-библиотек в искусственных условиях, заканчивая диагностикой и лечением настоящих болезней. Вычисления с помощью молекул были предложены Чарльзом Беннеттом (Charles Bennett)[7,9] в 1982. Леонард Аделман (Leonard Adelman)[8,10] продемонстрировал первое вычисление на основе ДНК, решив «транспортную задачу» («задачу коммивояжера») в 1994. В 1999, Ихуд Шапиро (Ehud Shapiro)[6] представил концепцию «Доктор в «клетке» ('Doctor in a cell') – биомолекулярный компьютер, действующий внутри живого организма, запрограммированный специальными медицинскими данными для programmed для диагностики болезней и производства соответствующих лекарств.

«Компьютеры» - это биологические молекулы, использующие ДНК в качестве программного обеспечения и энзимы – в качестве аппаратного обеспечения, и способные решать миллиарды математических задач в секунду.

Такие крошечные устройства однажды могут быть помещены в клетки для наблюдения за биологическими процессами или даже синтеза лекарств. Практически в каждой клетке организма существуют нити ДНК – это биологическое программное обеспечение, сообщающее каждой клетке и молекуле что делать.

Если посмотреть на устройство клетки, большинство происходящих в ней процессов – вычисления. Клетку даже не нужно ничему «учить», необходимо просто задать необходимый порядок действий на основе

присущих клетке свойств.

Некоторые учёные считают, что ДНК-компьютеры могут даже иметь преимущества перед существующими компьютерами, работающими на основе силиконовых чипов[4]. Размеры искусственных чипов уже практически достигли наименьшего предела. А крошечные нити ДНК способны хранить огромные количества информации – 1 кубический сантиметр ДНК может хранить больше информации, чем триллионы компакт-дисков.

Компьютеры с устройством ввода-вывода в виде ДНК создавались и раньше, однако, ввод и вывод требовал труднейших реакций, каждая из которых требовала человеческого контроля. Ранние биологические компьютеры были размером с комнату и состояли из компьютерного оборудования и специалистов-наблюдателей. Для получения ответа с помощью современных методов нужно лишь поместить все ингредиенты в пробирку, смешать их и проверить результат.

В настоящий момент биологические компьютеры умеют лишь отвечать «да» или «нет». Типичный вопрос биологическому компьютеру выглядит так: равно ли количество А и В в последовательности "ААВ"?

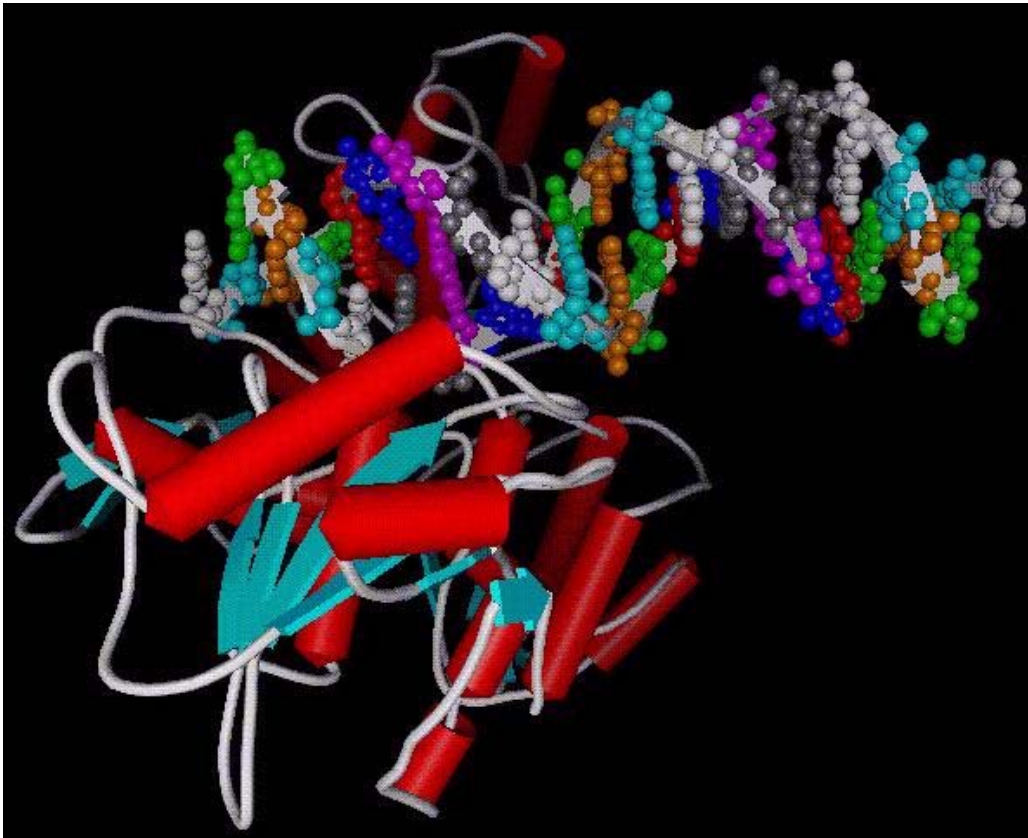


Рисунок 1. - Модель молекулы в процессе решения задачи

Как же работает подобный компьютер? (Рисунок 1) Допустим, компьютеру нужно выяснить, чётное или нечётное количество раз В-тип ДНК присутствует в данной последовательности ДНК. Данная последовательность ДНК – входная информация – помещается в химический раствор с ферментами, играющими роль «аппаратного обеспечения» компьютера. В тот же раствор добавляются другие последовательности ДНК, другими словами – «программное обеспечение».

«Программное обеспечение» соединяется с входной последовательностью ДНК с помощью ферментов. Если "В" находится на конце входной последовательности ДНК, компьютер обозначает входную последовательность как имеющую нечётное количество последовательностей "В". Затем в процесс вступает другой фермент – он разрезает данную последовательность и составляет новую. Каждый раз при проявлении "В", в строке ответа мелькают слова «чётное» или «нечётное». Как только компьютер полностью перекроит входную последовательность, он может

дать окончательный ответ - в зависимости от того, что появится в строке ответа.

Компьютер способен производить и другие вычисления путём подбора разных последовательностей ДНК – «программного обеспечения». Например, можно вычислить, является ли присутствие «В» в данной последовательности единственно возможным или же, при других комбинациях, возможны другие присутствия «В».

В отличие от обычных компьютеров, хранящих информацию на силиконовых чипах и электронных схемах, молекулярный компьютер (ДНК-компьютер) использует нити ДНК. Исследователи подчёркивают, что ДНК способно хранить огромное количество информации[1].

Т.о. миллиарды современных компьютеров можно уместить в одной капле воды, что делает возможным интенсивное применение биологических компьютеров во всех областях и сферах человеческой деятельности[5].

### **Литература:**

1. Клепиков, А.Ю.; Ростовцев, В.С. Способ кодирования чисел ДНК-цепочками и основные операции для выполнения арифметических действий в парадигме ДНК-вычисления [ Электронный ресурс] // «Инженерный вестник Дона», 2012, №4 – Режим доступа: <http://ivdon.ru/magazine/archive/n4p2y2012/1409> (доступ свободный) – Загл. с экрана. – Яз. рус.
2. Фиговский, О.Л.; Нанотехнологии для новых материалов [ Электронный ресурс] // «Инженерный вестник Дона», 2012, №3 – Режим доступа: <http://ivdon.ru/magazine/archive/n3y2012/1048> (доступ свободный) – Загл. с экрана. – Яз. рус.
3. Фиговский, О.Л.; Новейшие нанотехнологии[ Электронный ресурс] // «Инженерный вестник Дона», 2012, №3 – Режим доступа: <http://ivdon.ru/magazine/archive/n1y2012/725> (доступ свободный) – Загл. с экрана. – Яз. рус.

4. Явруян, Х.С., Филонов, И.А.; Фесенко, Д.А. К вопросу о применении нанотехнологий в производстве строительных материалов [Электронный ресурс] // «Инженерный вестник Дона», 2012, №3 – Режим доступа: <http://ivdon.ru/magazine/archive/n3y2012/1021> (доступ свободный) – Загл. с экрана. – Яз. рус.
5. Малинецкий, Г.Г.; Митин, Н.А.; Науменко, С.А. Нанобиология и синергетика. Проблемы и идеи. Препринт ИПМ им. М.В. Келдыша РАН №29, 2005г.
6. Ehud Shapiro – Journal «Nature», pp.430-434, 2001;
7. Bennett, C. H. – Journal «BioSystems», pp.85-90, 1979.
8. Adelman, L. M. – Journal «Science», pp.1021-1024, 1994.
9. C. H. Bennett, “The Thermodynamics of Computation – A Review,” International Journal of Theoretical Physics, vol. 21, no. 12, pp. 905-940, 1982
10. Adelman, L. M.; Computing with DNA, Scientific American, August 1998, pp. 34-41.