ДНК-компьютеры основаны на молекулах ДНК. В этих ВМ роль логических вентилей играют группы цепочек ДНК, которые образуют друг с другом прочные соединения. Возможность размещения в небольшом объёме огромного числа вычислительных модулей позволяет получить скорость вычислений порядка миллиарда операций в секунду. Ещё одним достоинством ДНК-компьютеров является работоспособность внутри человека. Также они позволяют моментально производить идентификацию заболеваний в организме. Существующие на сегодняшний день варианты моделей ДНК-компьютеров позволяют решать пока самые простые задачи. Основным недостатком таких компьютеров является неопределённость, насколько полезными или вредными окажутся они для человечества. По мнению учёных, создание полноценных ДНК- компьютеров возможно в далёкой перспективе.

# История

В 1994 году Леонард Адлеман, профессор университета Южной Калифорнии, продемонстрировал, что с помощью пробирки с ДНК можно весьма эффективно решать классическую комбинаторную «задачу о коммивояжере» (кратчайший маршрут обхода вершин графа). которая представляет собой однонаправленный граф. Эта задача решается прямым перебором, однако при увеличении числа городов сложность ее возрастает экспоненциально. Каждый город Адлеман идентифицировал уникальной последовательностью из 20 нуклеотидов. Тогда путь между любыми двумя городами будет состоять из второй половины кодирующей последовательности для точки старта и первой половины кодирующей последовательности для точки финиша (молекула ДНК, как и вектор, имеет направление). Синтезировать такие последовательности современная молекулярная аппаратура позволяет очень быстро. В итоге последовательность ДНК с решением составит 140 нуклеотидов (7x20). Классические компьютерные архитектуры требуют множества вычислений с опробованием каждого варианта. Метод ДНК позволяет сразу сгенерировать все возможные варианты решений с помощью известных биохимических реакций. Затем возможно быстро отфильтровать именно ту молекулу-нить, в которой закодирован нужный ответ.

Проблемы, возникающие при этом:

—Требуется чрезвычайно трудоёмкая серия реакций, проводимых под тщательным наблюдением.

—Существует проблема масштабирования задачи.

Биокомпьютер Адлемана отыскивал оптимальный маршрут обхода для 7 вершин графа. Но чем больше вершин графа, тем больше биокомпьютеру требуется ДНК-материала.

Было подсчитано, что при масштабировании методики Адлемана для решения задачи обхода не 7 пунктов, а около 200, масса количества ДНК, необходимого для представления всех возможных решений превысит массу нашей планеты.

—Вслед за работой Адлемана последовали другие. Ллойд Смит из Университета Висконсин решил с помощью ДНК задачу доставки четырех сортов пиццы по четырем адресам, которая подразумевала 16 вариантов ответа. Ученые из Принстонского университета решили комбинаторную шахматную задачу: при помощи РНК нашли правильный ход шахматного коня на доске из девяти клеток (всего их 512 вариантов).

Далее происходило развитие ДНК-компьютеров:

— в 2001 г. Шапиро удалось реализовать вычислительное устройство на основе ДНК, которое может работать почти без вмешательства человека. Система имитирует машину Тьюринга — одну из фундаментальных концепций вычислительной техники. Машина Тьюринга шаг за шагом считывает данные и в зависимости от их значений принимает решения о дальнейших действиях. Теоретически она может решить любую вычислительную задачу. По своей природе молекулы ДНК работают аналогичным образом, распадаясь и рекомбинируясь в соответствии с информацией, закодированной в цепочках химических соединений.

—В 2002 году исследователи из Института Вейцмана в [Реховоте](https://ru.wikipedia.org/wiki/%D0%A0%D0%B5%D1%85%D0%BE%D0%B2%D0%BE%D1%82" \o "Реховот), Израиль, представили программируемую молекулярную вычислительную машину, состоящую из ферментов и молекул ДНК, а 28 апреля 2004 года ученые этого же института сообщили  создании ДНК-компьютера с модулем ввода-вывода данных

— В январе 2013 года исследователи смогли записать в ДНК-коде несколько фотографий JPEG, набор шекспировских сонетов и звуковой файл. В марте 2013 года исследователи создали транскриптор (биологический транзистор).

# Принцип работы

Нити ДНК имеют в своём составе четыре азотистых снования: цитозин, гуанин, аденин, тимин. Их последовательность кодирует информацию. С помощью ферментов эту информацию можно изменять: полимеразы достраивают цепочки ДНК, а нуклеазы их разрезают и укорачивают. Некоторые ферменты способны разрезать и соединять цепи ДНК в местах, указываемых другими ферментами — лигазами. Таким образом, ДНК-компьютеры могут хранить и обрабатывать информацию. Также, химические реакции на разных частях молекул проходят независимо, параллельно, что обеспечивает высокую скорость вычислений.

Напомним, что ДНК представляет собой две спирали, соединенные между собой парами азотистых оснований. Спирали — это гигантские макромолекулы, состоящие из дезоксирибозы и фосфатных групп. Если провести аналогию с машиной Тьюринга, спираль — это перфолента, на которой записан программный код.

Код состоит из четырех букв, обозначающих азотистые основания: А — аденин, Т — тимин, С — цитозин и G — гуанин. Азотистые основания двух соседних спиралей притягиваются друг к другу, причем аденин соединяется только с тимином, а цитозин — с гуанином. Благодаря азотистым основаниям две спирали, являющиеся зеркальным отображением друг друга, соединяются в одну молекулу ДНК.

# Конечный биоавтомат Шапиро

Конечный биоавтомат Бененсона-Шапиро — технология многоцелевого ДНК-компьютера, разрабатываемая израильским профессором Эхудом Шапиро и Яаковом Бененсоном из Вейцмановского института.

Его основой являются уже известные свойства биомолекул, таких как ДНК и ферменты. Функционирование ДНК-компьютера сходно с функционированием теоретического устройства, известного в математике как «конечный автомат» или машина Тьюринга.

Разработанный Эхудом Шапиро и его коллегами биокомпьютер требует для работы лишь составления правильной молекулярной смеси. Затем примерно за час эта 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. В целом же система функционирует как простой конечный автомат.

Задачи, которые способен решать этот автомат, зависят от подаваемых на вход молекул и от молекул программного обеспечения. Пользуясь формальным языком, сейчас автомат способен обрабатывать "регулярные выражения", т.е. находить ответы на несложные вопросы относительно содержимого списков, содержащих два типа символов, таких как "0" и "1", или "a" и "b". Например, четно ли число единиц в последовательности? Или есть ли в последовательности по крайней мере один символ "b"? В общей сложности биомолекулярный нанокомпьютер израильских ученых сейчас можно запрограммировать на отыскание ответов для 756 подобных вопросов.

# Заключение

**Во-первых, в них может использоваться не бинарный, а*****тернарный код* (*****информация* в них кодируется тройками нуклеотидов).**

**Во-вторых, вычисления в них могут производиться путем одновременного вступления в реакцию, например, триллионов молекул ДНК, в результате чего биокомпьютеры могут выполнять до 1014 операций в секунду.**

**В-третьих, вычислительные устройства на основе ДНК хранят данные с плотностью, в триллионы раз превышающей показатели современных оптических дисков.**

**В-четвертых, ДНК-компьютеры имеют исключительно низкое*****энергопотребление*.**

Однако при разработке биокомпьютеров ученые столкнулись с целым рядом серьезных проблем. Первая связана с проблемой считывания результатов вычислительных операций. Современные способы секвенирования (определения кодирующей последовательности) несовершенны: нельзя за один раз секвенировать цепочки длиной хотя бы в несколько тысяч оснований. Кроме того, это весьма дорогостоящая, сложная и трудоемкая операция. Вторая проблема - ошибки в вычислениях. Для биологов *точность* в 1 % при синтезе и секвенировании биооснований считается очень хорошей. Для ИКТ она неприемлема: решения задачи могут потеряться, когда молекулы просто прилипают к стенкам сосудов и нет гарантий, что не возникнут точечные мутации в ДНК и т.д. С течением времени ДНК распадаются и результаты вычислений исчезают.

Учёные уверены, что в перспективе ДНК-машины смогут взаимодействовать с клетками человека, осуществлять наблюдение за потенциальными болезнетворными изменениями и синтезировать лекарства для борьбы с ними, производить гормоны и доставлять определенную дозу препарата к конкретному органу.

Психиатры говорят о возможности внедрения крошечных биомашин в организм человека для лечения психических расстройств, а со временем и для коррекции поведенческих реакций.

С помощью клеточных компьютеров можно будет объединить технологии для управления предприятиями всех видов продукции. Причём всего за несколько часов можно будет проанализировать эффективность деятельности огромного завода, просчитать конкурентоспособность основных видов товаров и необходимость расширения производства.

Биокомпьютерные технологии в бизнесе, науке, производстве и даже в управлении государством позволят моментально найти наилучшие решения — это избавит мир от фатальных проблем, связанных с не­­умелым руководством.

Однако, имеются и противники данной технологии. Прежде всего, негативное отношение к биокомпьютерам является то, что из-за возможности внедрения их в тело человека, по сути, нарушаются законы природы, а также личная свобода человека.

## 