

SVEUČILIŠTE U ZAGREBU
PRIRODOSLOVNO–MATEMATIČKI FAKULTET
MATEMATIČKI ODSJEK

Antonio Kovačić

DNA KRIPTOGRAFIJA

Diplomski rad

Voditelj rada:
prof. dr. sc. Andrej Dujella

Zagreb, srpanj, 2014.

Ovaj diplomski rad obranjen je dana _____ pred ispitnim povjerenstvom u sastavu:

1. _____, predsjednik
2. _____, član
3. _____, član

Povjerenstvo je rad ocijenilo ocjenom _____.

Potpisi članova povjerenstva:

1. _____
2. _____
3. _____

Ovaj diplomski rad posvećujem svojim roditeljima, sestri, braći, prijateljima, mentoru, profesorima, kolegama s faksa, kao i svim ljudima koji su doprinijeli kako mom intelektualnom rastu, tako i mom rastu kao cjelovite osobe.

Sadržaj

Sadržaj	iv
Uvod	1
1 DNA računalo	2
1.1 DNA izračunljivost	2

Uvod

U današnje vrijeme svjedoci smo nagloga porasta razmjene podataka. Naglim napretkom današnjih računala, javila se potreba za povećanjem sigurnosti, odnosno zaštite podataka, koji putuju preko komunikacijskog kanala. Današnji kriptosustavi omogućuju siguran prijenos takvih podataka, a ključ njihovog razbijanja zapravo leži u faktoriziranju nekog *velikog* broja (na primjer RSA kriptosustav). Na današnjim računalima, takav problem nije lako riješiv - pa su ti sustavi još uvijek sigurni. Razvojem novih teoretskih modela računala - koji se pokušavaju i u praksi realizirati - uočeno je da problem faktorizacije neće biti više takav problem. Primjer jednog takvog računala je kvantno računalo za kojeg postoji algoritam (*Shorov algoritam*) koji faktorizira broj u polinomnom vremenu. Time se javila potreba za osmišljavanjem novih teoretskih modela računala - odnosno kriptosustava - koji bi bili otporni na kvantno izračunavanje - ne bi se mogli probiti uporabom kvantnog računala u nekom razumnom vremenu. Takve kriptosustave ćemo zvati *kvantno rezistentnima*. Tema ovog diplomskog rada biti će DNA kriptografija. Kratko rečeno, radi se o teoretskom modelu kriptografskog sustava koji pomoću DNA izračunavanja šifrira podatke. Prednost takvog sustava jest upravo što je kvantno rezistentan.

U ovom radu najprije ćemo se ukratko upoznati s pojmom DNA računala, odnosno DNA izračunavanja, složenosti DNA računala te algoritmom za enkripciju, odnosno dekripciju podataka pomoću DNA računala.

Poglavlje 1

DNA računalo

1.1 DNA izračunljivost

DNA stroj, kao ni DNA izračunavanje nećemo striktno definirati već će definicija biti opisna - u definiciji ćemo reći koje operacije DNA stroj može izvršavati, i što pri tome mora biti zadovoljeno.

Prije nego definiramo DNA stroj moramo definirati neke pojmove iz logike sudova i kombinatorike.

Definicija 1.1.1. *Alfabet je proizvoljan konačan skup, čije elemente nazivamo **simboli**.*

*Neka je $n \in \mathbb{N}$ proizvoljan te A proizvoljan alfabet, proizvoljni element $w \in A^n$ zovemo **riječ alfabeta A** . Neka su $s_1, \dots, s_n \in A$, riječ $w = (s_1, \dots, s_n)$ alfabeta A još zapisujemo kao $w = s_1 s_2 \dots s_n$. Smatramo da postoji riječ alfabeta A , koju ćemo označavati s ε , koja se ne sastoji ni od jednog simbola i zovemo je **prazna riječ**. Po dogovoru smatramo da je $A^0 = \{\varepsilon\}$. Skup svih riječi alfabeta A označavamo sa A^* . **Duljina riječi** se definira kao*

funkcija $d : A^* \rightarrow \mathbb{N}$ sa:

$$d(\varepsilon) = 0$$

$$d(wa) = d(w) + 1$$

Definicija 1.1.2. Neka je S proizvoljan konačan skup, a $m : S \rightarrow \mathbb{N}$ proizvoljna funkcija. **Multiskup M na skupu S** je uređeni par $M = (S, m)$. Za proizvoljan $x \in S$, $m(x)$ zovemo **kratnost od x** . **Kardinalnost multiskupa M** (broj elemenata), u oznaci $|M|$, se definira kao:

$$|M| := \sum_{x \in S} m(x)$$

Definicija 1.1.3. **DNA lanac** je proizvoljna riječ alfabetu $\{A \text{ (adenin)}, G \text{ (gvanin)}, T \text{ (timin)}, C \text{ (citozin)}\}$. **DNA stroj** se sastoji od konstantnog broja konačnih skupova koje nazivamo **epruvete**, a čiji su elementi **DNA lanci**. Za proizvoljnu epruvetu K DNA stroja definiramo multiskup $MulS(K)$ kao multiskup svih riječi koje predstavljaju DNA lance sadržane u epruveti K . U DNA stroju su definirane slijedeće instrukcije:

- $Kopiraj(K_1, K_2) \rightarrow$ uz pretpostavku da je $K_2 = \emptyset$, kopira $MulS(K_1)$ u $MulS(K_2)$ time više K_2 nije prazan
- $Spoji(K_1, K_2, K) \rightarrow$ uz pretpostavku da $K = \emptyset$:

$$MulS(K) = MulS(K_1) \cup MulS(K_2)$$

- $Uoči(K) \rightarrow$ ispituje je li $MulS(K) \neq \emptyset$, ako je rezultat operacije je \top , inače \perp
- $Odvoji(K, w) \rightarrow$ za skup K i riječ w (iz $MulS(K)$) izbacuje sve riječi iz K koje kao podriječ ne sadrže riječ w
- $Izvadi(K, w) \rightarrow K \setminus Odvoji(K, w) \rightarrow$ izbacuje sve riječi iz K koje sadrže w

- $Odvoji_Pref(K, w) \rightarrow$ izbacuje sve riječi iz K koje ne sadrže w kao prefiks
- $Odvoji_Suff(K, w) \rightarrow$ izbacuje sve riječi iz K koje ne sadrže w kao sufiks
- $Proširi(K) \rightarrow$ multiskupu $MulS(K)$ još jednom dodaje elemente od K
- $Izdvoji_po_duljini(K, l) \rightarrow$ iz K izbacuje sve riječi čija je duljina različita od l
- $Konkatenacija(K) \rightarrow$ na slučajan način izvodi operaciju konkatenacije nad riječima iz $MulS(K)$ tako da duljina novonastalih riječi ne bude veća od neke konstante, a vraća multiskup koji sadrži sve riječi nastale tom konkatenacijom. Vjerojatnost nastajanja duljih riječi je veća. Ukoliko $MulS(K)$ prije izvođenja ove operacije nad epruvetom K sadrži veliki broj kopija svake od riječi, tada će $MulS(K)$ nakon izvođenja ove operacije nad epruvetom K sadržavati sve moguće kombinacije elemenata iz K .
 - **Biološki komplement** DNA lanca H definiramo kao DNA lanac koja ima jednako znakova kao i H , ali je svaki znak A zamijenjen znakom T , a svaki znak C znakom G i obratno, i označavamo je s \overline{H}
 - Neka riječ H ima duljinu $n \in 2\mathbb{N}$, tada definiramo **biološki prefiks** riječi H kao biološki komplement riječi sastavljene od prvih $\frac{n}{2}$ znakova iz H , slično definiramo i **biološki sufiks** riječi H kao biološki komplement riječi sastavljene od zadnjih $\frac{n}{2}$ znakova riječi H
 - Smatramo da je operacija konkatenacije nad riječima H i J dopuštena ako postoji riječ L takva da je biološki sufiks od H prvih $\frac{n}{2}$ znakova od L , a biološki prefiks od J prvih $\frac{n}{2}$ znakova od L
- $Izreži(K) \rightarrow$ na slučajan način “skraćuje” riječi iz $MulS(K)$ do neke fiksne duljine
- $Izaberi(K) \rightarrow$ na slučajan način iz $MulS(K)$ izabire neku riječ te “generira” novi skup sastavljen od samo te riječi

Program za DNA stroj definiramo kao konačan niz gornje navedenih instrukcija. U svakom koraku programa se može izvesti točno jedna instrukcija.

Vidimo da se sve ove operacije izvršavaju nad jednom epruvetom u jednom koraku, odnosno multiskupom $MulS(K)$. Što je veća kardinalnost multiskupa $MulS(K)$, to se više operacija na riječima izvrši istovremeno, a u stvarnom svijetu sve te operacije imaju svoje "biokemijske analogone" - biokemijske reakcije. Takvo računalo zapravo možemo interpretirati kao superračunalo s izuzetno velikim brojem procesora. U pozadini svega toga se zapravo krije masivni paralelizam. Memoriju DNA računala zapravo predstavljaju epruvete. Jasno je odakle naziv epruvete.

Iz ovoga svega se čini da je broj procesora DNA računala zapravo neograničen - u teoriji jest, ali u praksi se već sada zaključuje da to neće biti moguće - naime broj DNA lanaca u epruveti (laboratorijskoj) biti će ograničen volumenom te epruvete. A kako procijeniti složenost DNA programa? Složenost DNA programa procjenjujemo prema broju izvršenih instrukcija i kardinalnosti skupa $MulS(K)$.