

SVEUČILIŠTE U ZAGREBU  
FAKULTET ELEKTROTEHNIKE I RAČUNARSTVA

**SEMINAR**

## **Utjecaj biologije na razvoj računarstva**

*Filip Domazet*

Voditelj: *Mile Šikić*

Zagreb, travanj, 2010.

## Sadržaj

Uvod.....	1
Računarstvo inspirirano biologijom.....	2
1.1    DNA Computing .....	2
1.1.1    Kako je počelo .....	2
1.1.2    Automati korištenjem DNA-manipulirajućih enzima.....	4
1.1.3    Logička vrata pomoću deoksiribozima .....	6
1.2    Pohrana podataka pomoću proteina .....	9
1.2.1    3D optička memorija .....	9
1.2.2    Asocijativna holografska memorija.....	11
Zaključak.....	13
Literatura .....	14
Sažetak .....	15

## Uvod

Jednako kako računarstvo nudi mogućnosti za razvoj biologije, tako se mogu naći i primjeri u kojima biologija utječe na razvoj računarstva, bilo da se radi o konceptima ili primjeni materijala otkrivenih u biološkim istraživanjima.

Kada se pogleda što je priroda već postigla milijardama godina evolucije, nije ni čudo da se u zadnje vrijeme sve više inspiracije za razvoj računarstva crpi iz biologije. Između ostalog, tu se ubraja i najkompliciranije računalo – ljudski mozak, za koji se smatra da još dugo nećemo moći imitirati tehnologijom.

Pogledajmo mogućnosti paralelizma na primjeru ljudskog bića – dok slučamo, pričamo, mislimo, krećemo se, paralelno se u tijelu odvijaju mnogobrojne druge funkcije kojih nismo ni svjesni, uključujući dovodnju kisika i hranjivih tvari do stanica, izbacivanje štetnih stvari, reguliranje hormona, aktivnosti imunološkog sustava, regeneracija oštećenog tkiva te repliciranje stanica. U usporedbi, današnja računala imaju relativno ograničenu mogućnost paralelizma.

Također, živa bića rade s „komponentama“ koje su na molekularnoj razini, oko 1000 puta manje od veličine tranzistora. Rade upravo na principima koji predstavljaju granični faktor poluvodičkih elemenata.

Pri poboljšavanju performansi računala želi se postići što veća brzina rada, i kapacitet u slučaju memorije, a što manja veličina i potrošnja energije. No, minijaturizacija poluvodičkih komponenti ima svoja ograničenja kojima se sve više bližimo.

Korištenjem nekih od gotovih rješenja iz prirode moglo bi se dobiti značajno smanjenje u dimenzijama računala, povećanje u brzini rada, te ušteda energije.

Neki od primjera utjecaja su evolucijski algoritmi, umjetne neuronske mreže, DNA computing, memorijski uređaji na bazi proteina, evoluirajući i embrionalan hardware. Fokus ovog rada je DNA computing i pohrana podataka pomoću proteina. Treba napomenuti da se radi o tehnologijama koje su još u razvoju te će vjerojatno proći još niz godina do stadija njihove praktične upotrebljivosti.

## Računarstvo inspirirano biologijom

Neke od prednosti bioloških materijala nad konvencionalnima su manje dimenzije, veća mogućnost paralelne obrade podataka, te veća energetska efikasnost. Također, najčešće su prisutni u obilnim količinama, što ih čini jeftinim resursom, te proizvodnja u pravilu ne uključuje toksične elemente kao za poluvodične uređaje.

### 1.1 DNA Computing

DNA prirodno služi za pohranu podatka, što ga čini pogodnim materijalom za korištenje u računalne svrhe. Možda prva ideja za primjenu DNA bi bila kao medij za pohranu podataka – jedan kubni centimetar DNA može pohraniti  $10^{21}$  bitova informacije. Međutim, ovdje se razmatra drugačija primjena DNA.

DNA computing znači korištenje DNA u svrhu izvođenja računskih operacija. Trenutno se uglavnom izvodi u laboratorijima i u relativno ranim je fazama razvoja. Postoji i problem kako napraviti sučelje za spoj sa uobičajenim elektroničkim sklopovljem.

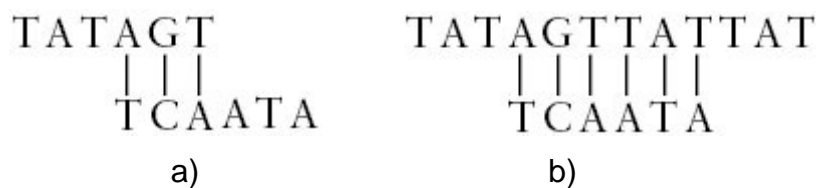
Ukratko o strukturi DNA kojom se koriste ovdje navedene metode. DNA se sastoji od dva lanca nukleotida A, C, G i T (adenin, citozin, gvanin i timin) koji su spojeni na sljedeći način: A sa T, C sa G. Na primjer, lanac sa slijedom nukleotida AGTTAT se spaja sa lancem TCAATA u dvolančanu strukturu, te kažemo da ti lanci sadrže komplementaran slijed nukleotida.

#### 1.1.1 Kako je počelo

Prvi koji je demonstrirao da se DNA može koristiti u računalne svrhe bio je Adleman 1994. na problemu *usmjerenog Hamiltonovskog puta*, također poznatog i pod nazivom problem *trgovačkog putnika*, koji se smatra zahtjevnijim računalnim zadatkom. Problem glasi - za zadani usmjereni graf, recimo da su to gradovi (vrhovi grafa) koji su povezani (jednosmjernim) zračnim linijama (bridovi grafa), da li postoji put kojim se može doći od odabranog početnog grada do odabranog završnog grada koji svakim gradom prolazi točno jedanput.

Adleman je problem riješio na grafu od sedam vrhova. Prvo se svakom gradu dodijeli jedinstveno ime od šest slova (A, C, G ili T), od kojih svako predstavlja nukleotid. Recimo da dva grada, npr. Sydney imenujemo sa AGTTAT i Seville sa TATCTC. Zatim bridove, tj. direktne zračne linije označimo sa zadnja tri slova od polaznog grada i prva tri slova od odredišnog grada. Dakle za liniju iz Sydneya u Seville to bi bilo TATTAT.

Potom je potrebno sintetizirati jednolančane molekule DNA za sve linije i komplementarne jednolančane slijedove za sve gradove te ih pomiješati u epruveti. Ako lanac koji predstavlja određen let naiđe na drugi koji sadrži komplement odgovarajućeg grada, spojiti će se, kao što je ilustrirano na slici 1 a) za let iz nekog grada u Sydney (gornji lanac) te komplement imena za Sydney (donji lanac).



Slika 1. – Spajanje lanaca koji predstavljaju liniju i komplement imena grada

Zatim ako naiđe lanac koji predstavlja let iz Sydneya spojiti će se kao što je prikazano na slici 1 b), za let iz Sydneya u Seville. Na taj lanac se dalje može nadovezati komplement imena od Seville, zatim let iz Seville u neki drugi grad, itd.

Nakon kratkog vremena generirane su sve moguće kombinacije, te je potrebno izdvojiti točan odgovor. Prvo se izdvajaju svi lanci koji započinju s unaprijed odabranim početnim i završavaju s unaprijed odabranim završnim gradom. Zapravo se broj povoljnih lanaca umnogostruči da bude daleko brojniji nad lošim rezultatima.

Potom se izdvoje svi lanci odgovarajuće duljine, tj. svi putevi koji prolaze kroz 7 gradova kroz proces koji lance razdvaja po duljini.

Nakon toga se trebaju izdvojiti lanci koji prolaze kroz svih 7 gradova. To se ostvaruje tako da se prvo razdvoje dvostruki u jednostruke lance te se u otopinu dodaju magnetizirani lanci komplementa imena prvog grada koji se spajaju sa svim lancima koji predstavljaju put kroz taj grad, te se ti lanci magnetski izdvoje. Proces se ponavlja za svaki grad.

Završni korak je provjeriti da li je ostalo DNA lanaca u otopini i očitati rezultat ako je.

Treba napomenuti da kodiranje imena vrhova ne može biti sasvim proizvoljno jer može doći do neželjenog spajanja, no za taj problem postoji programsko rješenje.

Glavna prednost ovog pristupa je masivno paralelno izvođenje operacija. Pogodan je za rješavanje manjih kombinatorialnih problema poput problema *trgovačkog putnika*, upravo opisanog, te važnog problema u području računarstva pod nazivom *satisfiability problem (SAT)*. SAT jest pitanje da li za određen izraz Booleve algebre možemo odabrati takve vrijednosti varijabli da izraz bude istinit. Ovi problemi spadaju u kategoriju NP-potpunih problema, što kao posljedica znači da vrijeme potrebno za rješavanja problema jako brzo raste s veličinom problema.

Korištenje DNA omogućava provjeravanje svih mogućnosti istovremeno, znači u vremenu  $O(1)$ . Ograničavajući faktor pri tome jest veličina problema, jer za sve veći broj varijabli potrebno je eksponencijalno više lanaca DNA. Također, same laboratorijske operacije pripreme odgovarajućih DNA sekvenci te izdvajanje traženog odgovora traju duže vrijeme.

Nije vjerojatno da će se na ovaj način pomoću DNA moći realizirati računalo opće svrhe, već se traži da li postoji neki problem za koji je ova metoda najbolje riješnje. Adlemanov pokus više služi kao demonstracija potencijala DNA, sa budućim implikacijama kada se razviju nove tehnologije koje će omogućiti lakše baratanje makromolekulama.

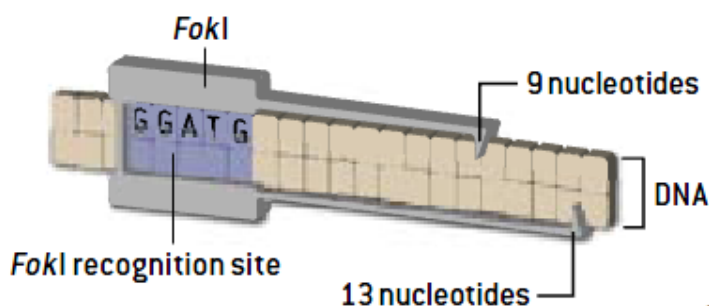
### 1.1.2 Automati korištenjem DNA-manipulirajućih enzima

Ovaj pristup je inspiriran sličnostima načina na koji se DNA obrađuje unutar stanice i Turingovog stroja, konceptualnog stroja koji može izračunati bilo koji izračunljiv problem. Oba sustava obrađuju informacije pohranjene u nizu znakova nad fiksnom abecedom, krećući se korak po korak po nizu, mijenjajući ili dodavajući znakove po propisanim pravilima.

Brzina prirodnih sustava kao što su ribosomi je samo stotine operacija u sekundi, dakle ovaj pristup ne bi nužno nudio bolje performanse za klasične računalne probleme od postojećih sustava, već ima drugu prednost, a to je veličina i mogućnost rada u biokemijskom okruženju kao što su živa bića, te kao takav ima potencijalne biomedicinske primjene.

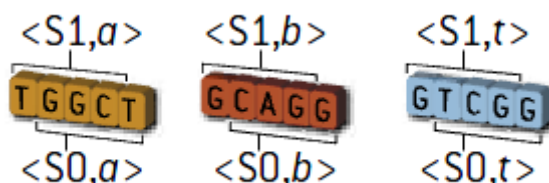
Za početak se pokušao ostvariti konačni automata, koji je znatno jednostavniji i ograničeniji od Turingovog stroja. Konačni automat čita niz znak po znak isključivo u jednom smjeru, sastoji se od ulazne trake na kojoj je napisan niz, te internih stanja koja mijenja s obzirom na očitani znak i propisanu funkciju prijelaza. Zadatak je bio napraviti konačni automat koji treba odrediti da li zadani niz od slova  $a$  i  $b$  sadrži paran broj slova  $b$ . Za ovaj problem dovoljna su 2 stanja, označimo ih sa  $S_0$  i  $S_1$ , gdje  $S_0$  predstavlja da je broj slova  $b$  u nizu paran, a  $S_1$  da je neparan.

Materijali korišteni za ostvarivanje ovog automata su dvolančane molekule DNA za ulazni niz i za ostvarivanje funkcije prijelaza, te enzim FokI. FokI prepoznaje niz nukleotida GGATG i cijepa dvolančani DNA nakon 9 (gornji dio lanca) i 13 (donji dio lanca) nukleotida niže od prepoznatog niza, kao što se može vidjeti na slici 2.



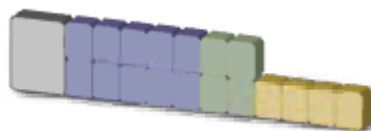
Slika 2. – Princip rada FokI enzima

Trenutno stanje i ulazni znak može se kodirati pomoću jednolančanog DNA na sljedeći način: za neki znak  $x$ , odaberimo niz od pet nukleotida, prva četiri nukleotida kodiraju „trenutno stanje je  $S_1$  i čita se znak  $x$ ”, a zadnja 4 nukleotida predstavljaju „trenutno stanje je  $S_0$  i čita se znak  $x$ ”, kao što je prikazano na slici 3. Znak  $t$  je oznaka za kraj niza.



Slika 3. – Kodiranje ulaznih znakova i stanja

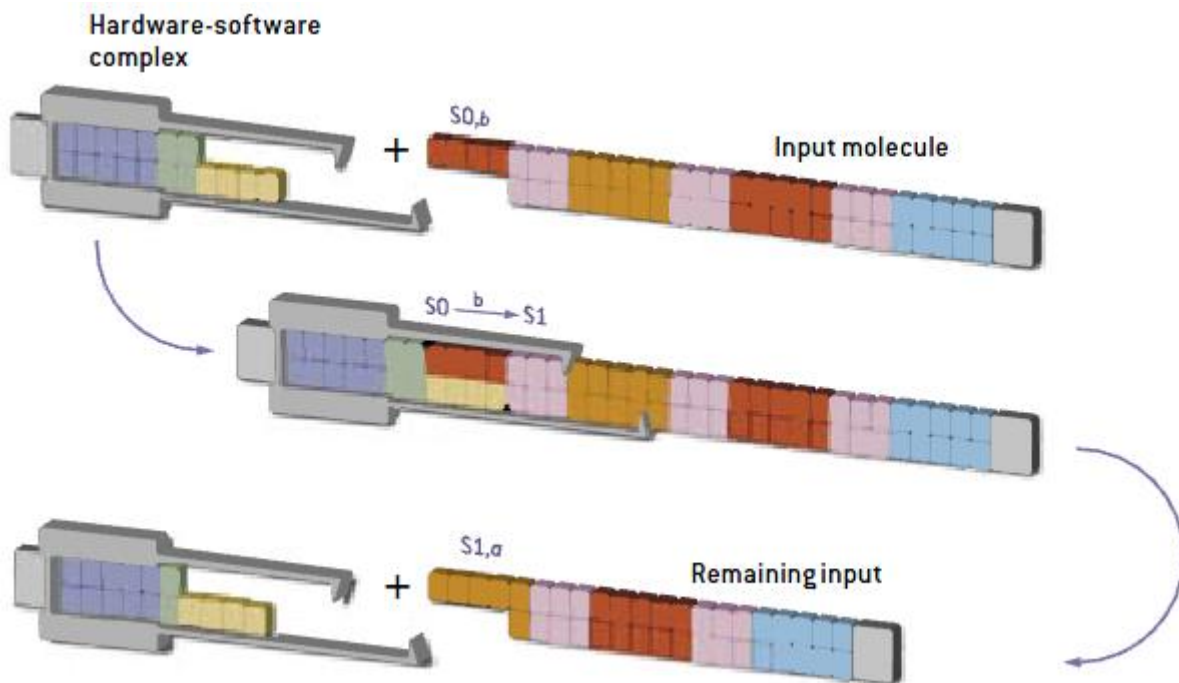
Određeno pravilo funkcije prijelaza se ostvaruje pomoću dvolančane DNA molekule s jednolančanim krajem (slika 4.). Plavi dio predstavlja niz koji FokI prepoznaje, žuti jednolančani kraj predstavlja komplementarni niz onoj kombinaciji ulaznog znaka i stanja na koju se prijelaz odnosi. Pomoću dijela niza označenog zelenom bojom se ostvaruje odmak, čime se određuje na kojoj poziciji će se dogoditi cijepanje, što direktno određuje sljedeće stanje.



Slika 4. – Kodiranje pojedinog pravila prijelaza

Ulazni niz se kodira na sljedeći način, početno stanje je  $S_0$ , stoga je na početku jednolančani kraj koji kodira stanje  $S_0$  i neki početni znak, popraćen dvolančanim DNA počevši s razmakom od tri, tj. tri nukleotida koja ne sudjeluju u čitanju niza, nakon čega slijedi pet nukleotida koji predstavljaju neki znak, potom razmak od tri, itd., a kraj se označuje sa znakom  $t$ .

Način rada je ilustriran na slici 5. Ulazni niz se spaja na molekulu koja predstavlja odgovarajući prijelaz te FokI zatim cijepa ulaznu molekulu, te rezultatni jednolančani kraj predstavlja novu kombinaciju ulaznog znaka i stanja. Ovaj postupak se ponavlja sve dok se ne dođe do znaka  $t$ , koji se dalje ne veže i stanje koje kodira predstavlja izlaz sustava.



Slika 5. – Primjer rada opisanog automata

Primjetimo da, za razliku od prethodnog pristupa, računalne operacije u ovom sustavu su autonomne, tj. odvijaju se bez ljudske intervencije. Jednom kada se ulazni niz, pravila prijelaza i enzim dodaju u otopinu, ostatak procesa se odvija autonomno.

Također, s ovim rješenjem se može dobiti bilo kakav konačni automat s dva stanja i ulaznom abecedom od dva znaka, tako da se koriste drugačija kombinacija molekula koje predstavljaju pravila prijelaza.

Budući da se proces može odvijati bez ligaze (enzima koji služi za spajanje fosfatnog kostura pri spajanju jednolančanih krajeva dviju molekula DNA), nije potreban vanjski izvor energije, jer se u ovim kemijskim reakcijama oslobađa energija, te molekule za kodiranje prijelaza nisu potrošene u procesu i mogu se reciklirati.

Za realizaciju Turingovog stroja trenutno ne postoje enzimi koji bi mogli dovoljno fleksibilno baratati s DNA, no pokazalo se da bi konačni automat mogao imati neke primjene.

Ideja za dijagnozu pomoću automata jest da počne u potvrdnom stanju i provjerava skup uvjeta prisutnosti neke bolesti. Započinje u potvrdnom stanju i prelazi i ostaje u nepotvrdnom stanju ako ijedan uvjet nije prisutan.

Pogledajmo primjer za dijagnozu raka. Mnoge vrste raka su karakterizirane prevelikim ili premalim koncentracijama određenih proteina, kao posljedica pretjerane ili premale aktivnosti gena koji ih kodira. Kada se gen aktivira, njegov kod je kopiran u RNA molekulu (označuje se mRNA), koju zatim čitaju ribosomi i prema njoj stvaraju niz amino kiselina koje tvore protein.

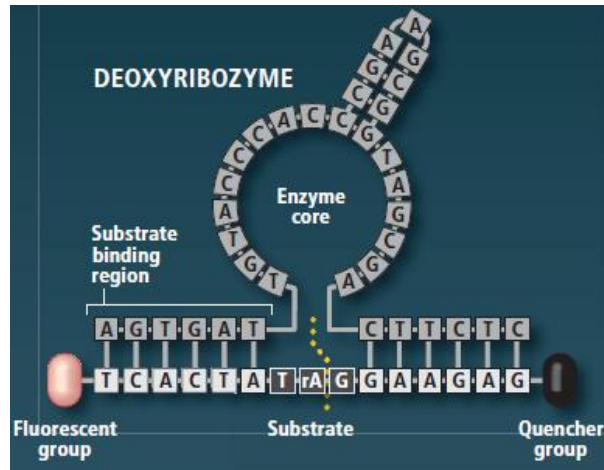
Za ostvarenje sustava svaka molekula prijelaza koja kodira prijelaz iz potvrdnog u potvrdno stanje razdvoji se na dvije jednolančane molekule, od kojih se jednu veže za molekulu koja inače ima veći affinitet interakcije s mRNA molekulom koja se povezuje s bolešću. U prisutnosti velike količine takvih molekula, bila bi dominantna koncentracija prijelaza iz potvrdnog u potvrdno stanje.

Dodatno, na kraj molekule za dijagnozu se može dodati lijek koji bi se otpuštao na pozitivnu dijagnozu. Međutim, budući da ponašanje ovog sustava nije potpuno pouzdano, moguće je da se pojave pozitivne dijagnoze iako nisu prisutni svi simptomi. Zbog toga je potrebno dodati i odgovarajuće koncentracije molekula koje bi pri završetku u nepotvrdnom stanju otpuštale supresor lijeka.

### **1.1.3 Logička vrata pomoću deoksiribozima**

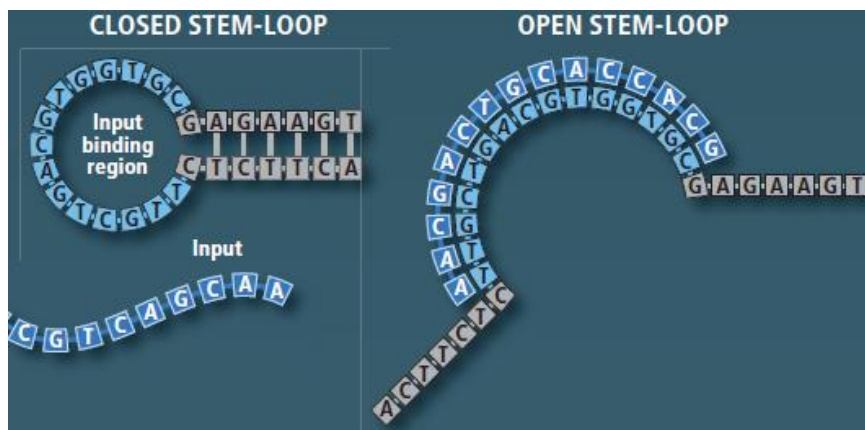
Deoksiribozimi su enzimi od jednolančanog DNA koji mogu cijepati druge jednolančane DNA molekule na dva dijela. Imaju dvije kratke ruke te će cijepati samo onaj DNA sa komplementarnim slijedom baza. Proces se može nadgledati tako da se na molekule koje treba cijepati na jedan kraj doda fluorescentna molekula, a na drugi kraj molekula koja sprječava aktivnost fluorescentne molekule. Kada se DNA lanac rascijepa, te dvije molekule nisu dovoljno blizu, te fluorescentna zasvijetli. Na slici 6. se može vidjeti deoksiribozim sa spojenom molekulom na koju djeluje.





Slika 6. – Deoksiribozim

Deoksiribozimi se mogu kombinirati s modulima za prepoznavanje molekula. Ti moduli rade kao senzori koji omogućuju ili onemogućuju rad enzima kad je određena molekula prisutna. Modul u obliku deblo-petlja (slika 7.) su se pokazali pogodnima za ovu primjenu. U zatvorenom obliku, koji predstavlja odsustvo tražene molekule (u daljnjem tekstu ulazna molekula), deblo je spojeno, no kad se molekula komplementarnog slijeda nukleotida spoji na petlju, deblo se razdvaja jer dvolančana struktura DNA ne može napraviti dovoljno malu petlju.

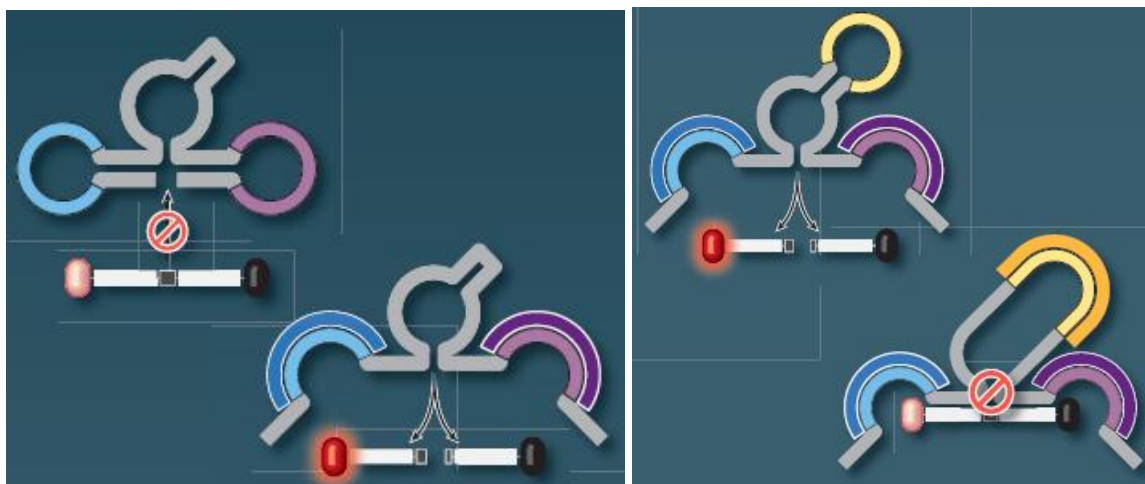


Slika 7. - Senzor

Dodavanjem ovakve strukture na jednu ruku dobivamo DA vrata, tj. vrata koja daju izlaz samo kada je prisutan ulaz. Dodavanjem na dvije ruke dobivamo I (AND) vrata, koja daju izlaz samo kada su oba ulaza prisutna. Dodavanjem senzora na centralni dio enzima dobivamo NE vrata, jer kada se razdvoji deblo enzima postaje dovoljno deformiran da prestane raditi. Ovakva NE vrata nisu toliko pogodna kao elektronička verzija jer neće mijenjati koncentraciju već rascjepanih molekula koje služe kao izlazna vrata. Zbog toga se kombiniraju sa I vratima što rezultira u I-I-NE vratima. Slike I te I-I-NE vrata se mogu vidjeti na slici 8.

Ovakva vrata imaju određene razlike naspram elektroničkih. Kao prvo, vrata se ne resetiraju, kada se ulazna molekula spoji na senzor, ostaje tamo ostatak računa. Kao drugo, elektronička vrata imaju dobro definirana stanja 0 i 1 kao nivoje napona, te prag okidanja kada se mijenja stanje, dok se izlaz ovih vrata, tj. koncentracija

rascjepanih DNA lanaca mijenja kontinuirano u vremenu. Doduše obje ove razlike nisu toliko bitne za biomedicinske primjene.



Slika 8. – a) I vrata

b) I-I-NE vrata

Potencijalna primjena ovog sustava je namijenjena biomedicinskim svrhama kao sredstva koja mogu analizirati situaciju u tijelu i poduzeti odgovarajuće mjere, npr. mjeriti razinu glukoze u krvi i otpuštati inzulin ili u bolestima poput leukemije gdje brojne bijele krvne stanice poprimaju specifična obilježja na svojoj površini. Standardna terapija uključuje antitijela koja uništavaju velik broj bijelih stanica s pojedinim obilježjem, uključujući i zdrave stanice, što oslabljuje pacijentov imunološki sustav. Ovakvi sustavi bi mogli analizirati više obilježja i donijeti sudove poput „obilježja A i B su prisutna, ali ne i C”, što omogućuje puno veću kontrolu.

Iako takvih primjena još nema, ovako ostvarena logička vrata su podvrgnuta jednom drugom testu, naime igri križić-kružić. MAYA (**m**olecular **a**rray of **Y**ES and **A**ND-**A**ND-**N**OT gates) je sustav napravljen upravo za tu svrhu. Sastoji se od 9 spremnika, svaki od kojih sadrži određenu kombinaciju logičkih vrata. Igra započinje tako da se u svaki spremnik doda magnezijev ion koji je potreban enzimu da bi mogao raditi. MAYA uvijek igra prva tako da zauzme srednje polje, njen potez se očita tako da se aktiviraju vrata u određenom polju, čime se rascjepaju DNA lanci s fluorescentnim molekulama koje potom zasvjetle. Igračev prvi potez je ograničen na lijevo i gornje lijevo polje, no zbog simetrije sve druge opcije se mogu dobiti samo rotiranjem ploče. Igrač unosi svoj potez tako da u svaki spremnik doda lanac DNA koji odgovara tom potezu, tj. broj oznake lanca podudara se s brojem polja. Na ovaj način mogu se odigrati 19 različitih igara od kojih će MAYA pobijediti 18, a jedna će završiti neriješeno.

Postoji i MAYA II koja nema ograničenja kao MAYA, te također oboji igračeve poteze drugačijom fluorescentnom bojom. Ono što je vrijedno spomena jest da se sastoji se od ukupno 128 različitih logičkih vrata. Pri tolikom broju se pojavljuju određeni problemi kao što su neželjena spajanja i različita brzina rada određenih vrata, čijim rješavanjem su se znatno unaprijedila vrata i razumijevanje procesa. MAYA II je prvi integrirani molekularni sklop srednje veličine.

## 1.2 Pohrana podataka pomoću proteina

Zbog nekih već navedenih prednosti određenih organskih spojeva nad konvencionalnim, kao što su manja dimenzija, i potrošnja energije, kao i mogućnost veće brzine rada koje to povlači, postoje istraživanja za korištenje proteina u shvru pohrane podataka. Proteini se u pravilu smatraju nedovoljno izdržljivim materijalom za primjenu u izradi uređaja, problemi su tolerancijama na temperaturu i fotokemijske reakcije sa okolinom. Međutim, neki su se pokazali pogodnim, kao što je bacteriorhodopsin. To je foto-osjetljivi ljubičasti pigment koji se u prirodi može naći u membrani bakterije *Halobacterium salinarium* koja živi u slanim močvarnim područjima te se tako prilagodila uvjetima visoke temperature (preko 65 °C) i intenziteta svjetla te promijenjive razine kiselosti okruženja, te je kao takva relativno robustna.

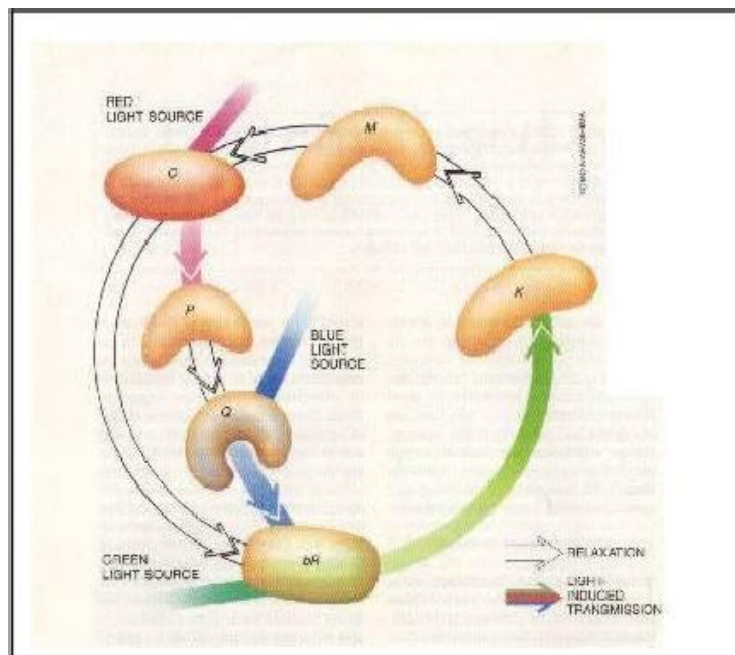
Postoje dva načina upotrebe bacteriorhodopsina kao optičke memorije, jedan je asocijativna holografska memorija, koja koristi optička svojstva interferencije na tankom filmu bacteriorhodopsina, a drugi je 3D optička memorija koja koristi foto-ciklus ovog proteina. Foto-ciklus je niz kemijskih reakcija u koje spoj ulazi kad je pobuđen svjetlom. Bacteriorhodopsinov foto-ciklus sadrži dva stabilna stanja te je kao takav pogodan za korištenje za pohranu binarnih zapisa.

Još jedna prednost korištenja proteina jest mogućnost prilagodbe svrsi genetskim inženjeringom.

### 1.2.1 3D optička memorija

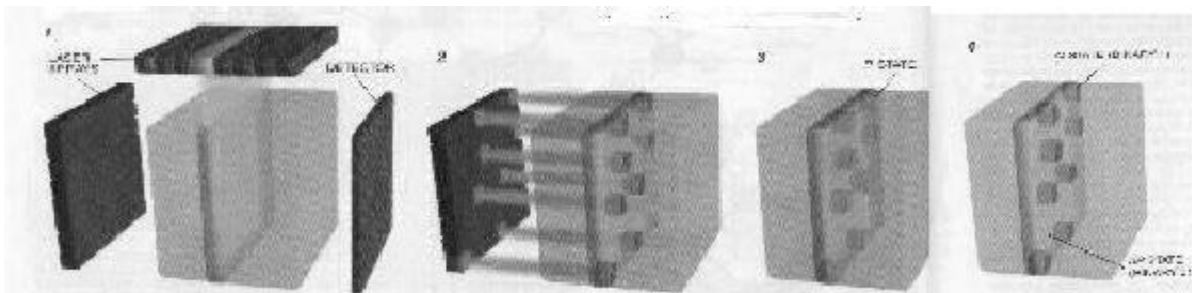
3D optička memorija može pohraniti 300-1000 puta više podataka za isto zauzeće prostora naspram 2D optičkih medija. U praksi je taj omjer bliže 300 zbog ograničenja na optičke uređaje. Postoje dvije metode koje se mogu koristiti za adresiranje podataka – istovremena apsorpcija dva fotona i sekvencijalna apsorpcija jednog fotona. Koja metoda će se koristiti ovisi o materijalu u upotrebi. Istovremena apsorpcija dva fotona se bazira na rijetkom svojstvu nekih molekula da istovremeno absorbiraju dva fotona. Za drugu metodu je potreban materijal koji ima fotociklus koji se može granati. Prvi foton aktivira ciklus, a drugi granajuću reakciju kojom molekula uđe u stabilno stanje. Bacteriorhodopsin je pogodan za obje metode, no budući da se smatra da arhitekture sa granajućim fotociklusom imaju veći potencijal, zbog jednostavnije arhitekture te jer su za istovremenu dvo fotonsku apsorpciju potrebni jaki laseri, ovdje će biti ilustriran sekvencijalni jedno-fotonski proces.

Prvo nešto o fotociklusu bacteriorhodopsina. Početno stanje molekule se naziva bR, koje pri apsorpciji zelenog svjetla prelazi u međustanje K, koje zatim prelazi u međustanje M, koje prelazi u O, O prelazi u početno stanje nakon nekog vremena ako nije pobuđeno crvenim svjetlom, no ako je prelazi u međustanje P koje zatim prelazi u stabilno stanje Q, iz kojega se apsorpcijom plavog svjetla može prijeći u početno bR stanje. Cijeli fotociklus traje 6-10ms ovisno o temperaturi, a prijelaz do O stanja oko 2ms. Za svrhe memorije bR stanje ćemo tretirati kao binarni zapis 0, a P i Q stanja kao binarni zapis 1.



Slika 9. – Foto-ciklus bacteriorhodopsina

Memorija se sastoji od kockastog gela polimera u kojem se nalaze tanki filmovi bacteriorhodopsina. Dva polja lasera, jedno crvenih, a drugo zelenih, pod kutem od 90 stupnjeva se koriste za adresiranje.



Slika 10. – Proces pisanja u 3D optičku memoriju

Proces pisanja (slika 10.) funkcionira tako da se prvo aktivira zeleni laser (za straničenje) i obasja ravninu (stranicu) unutar materijala, nakon otprilike 2 ms aktivira se drugi set lasera na mjestima gdje se trebaju kodirati binarne vrijednosti 1.

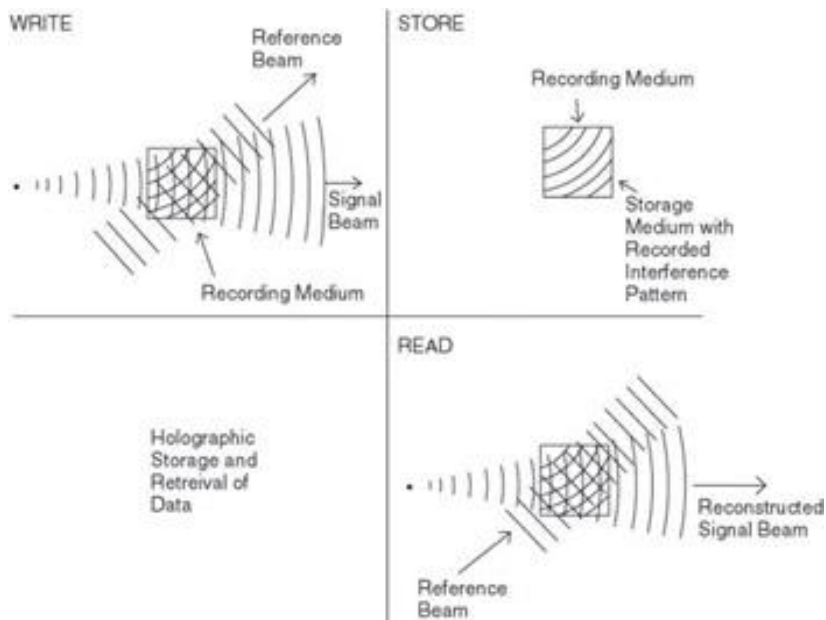
Čitanje se obavlja na sličan način. Prvo se obasja stranica zelenih laserima, a potom se uključi cijelo polje crvenih laseri, ali na jako niski intenzitet, kako bi se spriječio prelazak iz O u P i Q stanja. Molekule u P i Q stanju ne absorbiraju crveno svjetlo, dok one u O stanju absorbiraju. Uzorak tamnih i svjetlih područja zatim pada na detektor koji to pretvara u digitalnu informaciju.

Primjetimo da se na ovaj način odjednom može pisati i čitati čitava stranica informacija (preko 16 milijuna bitova).

Procjenjuje se da bi ovako zapisani podaci na filmu bacteriorhodopsina trebali trajati oko 9 godina. Podaci se mogu brisati i ponovno upotrijebiti oko tisuću puta.

## 1.2.2 Asocijativna holografaska memorija

Asocijativna memorija funkcionira na principu da se ulazni blok podataka ili slika uspoređuje sa cijelom memorijom s ciljem da se nađe onaj blok s najvećom podudarnošću. Memorija može vratiti nađeni blok, adresu bloka ili bit koji označuje da li je nađen dovoljno sličan blok po zadanim kriterijima.



Slika 11. – Pisanje i čitanje holografaska memorije

Pisanje u memoriju se ostvaruje pomoću dvije zrake iz istog lasera, objektne zrake i referentne zrake. Objektne zrake prolazi kroz LCD panel koji je pretvara u polje svijetlin i tamnih piksela, te tako sadrži informaciju koju treba pohraniti. Hologram se formira tamo gdje se unutar materijala sijeku objektne i referentne zrake. Uzorak interferencije tih dviju zraka u materijalu rezultira različitim indeksima loma na odgovarajućim mjestima. Mijenjanjem kuta upada, valne duljine ili pozicije referentne zrake može se zabilježiti više holograma na istom filmu. Ovako se zasebno pohranjuje svaka stranica informacije.

Čitanje se može ostvariti na dva načina. Za jednostavno dohvaćanje pohranjene informacije, materijal se obasja istom referentnom zrakom (isti kut / valna duljina / pozicija) koja se koristila za pisanje. Prolazeći kroz zabilježeni uzorak interferencije, ona se lomi te se tako rekonstruira originalna slika, koja se potom projicira na elektro-optički detektor za očitavanje. Ključni faktor je koliko precizno možemo reproducirati originalnu referentnu zraku koja se koristila pri pisanju podataka.

Drugi način se koristi ako želimo naći onu stranicu koja najbolje odgovara ulaznoj slici. U ovom slučaju se medij obasja objektnom zrakom koja odgovara ulaznoj slici. Budući da ulazna slika i njoj najpodudarnija pohranjena imaju određene zajedničke karakteristike, intenzitet svjetla za onaj hologram koji ima najviše sličnosti će biti najveći. Na taj način se lako i brzo može identificirati i dohvatiti najpodudarnija slika, jer se istovremeno provjeravaju sve slike.

Primjene ovakve vrste memorije uključuju identifikaciju otisaka prstiju i krivotvorenih novčanica, te se također smatra da će za ostvarenje prave umjetne

inteligencije, tj. oponašanja ljudskog mozga, velika količina brze asocijativne memorije biti potrebna.

Konkretno prednosti bacteriorhodopsina u ovoj primjeni uključuju veliku osjetljivost i dugovječnost. Brzo reagira na male promjene u intenzitetu i fazi svjetla te ih je odmah u stanju zabilježiti u rezultirajućem hologramu, što nije čest slučaj za materijale koji se primjenjuju za holografsko pohranjivanje podataka. Također, rezolucija slika je relativno velika, više od 2000 linija po mm. Što se dugovječnosti tiče, tj. broja puta koliko se na medij može pisati, čitati, ili brisati prije no što izgubi upotrebljivost, film od bacteriorhodopsina se može koristiti za skoro milijun operacija.

Također, operacija brisanja se obavlja relativno lako i brzo naspram nekih sustava koji koriste druge materijale, samo je potrebno protein obasjati plavim svjetlom.

## **Zaključak**

Znanstvenici su napravili napredak u istraživanjima korištenja bioloških materijala za izgradnju računala. Potreba za istraživanjima novih materijala proizlazi iz sve većeg bliženja tradicionalnih poluvodičkih materijala svojim fizičkim granicama te rješavanja kompleksnih problema što postojeće tehnologije ograničavaju.

S druge strane, neka istraživanja vode u drugom smjeru, ne da bi konkurirali i nadmašili performanse poluvodičkih uređaja, već ka primjeni u okruženju gdje su poluvodički materijali neprimjereni, kao što su stanice živih bića, tj. u biomedicinske svrhe.

Ove tehnologije su još u ranom stadiju razvoja. Predviđa se da će za praktičnu primjenu bioračunala i hibridnih računala biti potreban cijeli niz godina dodatnih istraživanja.

## Literatura

Sienko T., Adamatzky A., Rambidi N. G., Conrad M. Molecular Computing. The MIT Press, 2003.

Forbes, N. Imitation of Life: How Biology is Inspiring Computing. The MIT Press, 2004.

Saphiro, E., Benenson, Y. Bringing DNA Computers to Life. Scientific American. vol. 294, 5(2006.), str. 44-51

Macdonald, J., Stefanovic, D., Stojanovic, M. N. DNA Computers for Work and Play. Scientific American. vol. 299, 5(2008.), str. 84-91



## Sažetak

Jednako kako računarstvo nudi mogućnosti za razvoj biologije, tako se mogu naći i primjeri u kojima biologija utječe na razvoj računarstva, bilo da se radi o konceptima ili primjeni materijala otkrivenih u biološkim istraživanjima.

U ovom radu se obrađuje DNA computing i pohrana podataka pomoću proteina. Pod DNA computing-om se opisiju metode modeliranja kombinatorialnih problema pomoću jednolančanih DNA molekula i njihovih spajanja, ostvarivanje automata pomoću DNA-manipulirajućih enzima, te izgradnja logičkih vrata korištenjem deoksiribozima.

Pohrana podataka pomoću proteina opisuje 3D optičku memoriju i asocijativnu holografsku memoriju korištenjem optičkih svojstava proteina poznatog pod nazivom bacteriorhodopsin.