

Kwestia użyteczności i stosowalności astronomii, fizyki czy matematyki to temat na długi i poważny artykuł z filozoficznymi podtekstami – samo stwierdzenie, że każda z tych dyscyplin ma różne zastosowania, jest bowiem tyle oczywiste, co banalne. Pytanie: *do czego to się przyda?* towarzyszy prawie wszystkim badaniom naukowym: i tym, które służą niemal wyłącznie zaspokojeniu ludzkiej ciekawości, i tym o bezpośrednich, praktycznych celach.

Obok zastosowań oczywistych i zamierzonych istnieją zastosowania niezamierzone, niespodziewane. Czasem rezultaty badań *przydają się* w niezaplanowany sposób,

czasem do samych badań *przydają się* nieoczekiwane, pochodzące spoza danej dziedziny, narzędzia.

Postanowiliśmy takie sytuacje objąć wspólnym mianem *nietypowych zastosowań*. Teksty w tym numerze to przykłady pochodzące, naszym zdaniem, z tego właśnie, dość pojemnego, worka. Chcieliśmy, by przygotowana przez nas panorama przypominała widok roztaczający się w pogodny październikowy poranek z beskidzkiego szczytu: całego świata wprawdzie nie widać, szczegóły są zamglone, lecz mimo to widok jest zaskakująco szeroki i różnorodny, a sine kreski na horyzoncie mogą stać się dla kogoś celem przyszłych wędrówek.

Redakcja

Komputery na DNA

L. Adleman był jednym z twórców metody szyfrowania określanej skrótem RSA; patrz *Delta* 3/1997.

Droga w grafie jest drogą Hamiltona, gdy przechodzi przez każdy wierzchołek dokładnie jeden raz. Problem dróg Hamiltona polega na znalezieniu ogólnej efektywnej metody, pozwalającej stwierdzić istnienie takiej drogi w grafie spójnym.

nm^3 to nanometr sześcienny, a gęstość to stosunek liczby bitów, które można zapisać na danym nośniku, do jego pojemności.

Cząsteczkę kwasu dezoksyrybonukleinowego (DNA), polimer zbudowany z nukleotydów czterech rodzajów, można sobie wyobrazić jako skierowany łańcuch złożony z czterech liter: A (adenina), T (tymina), C (cytozyna) i G (guanina). Ludzka cząsteczka DNA składa się z $3 \cdot 10^9$ nukleotydów.

W ostatnich 20 latach bardzo rozwinęły się metody manipulacji łańcuchami DNA. Oddziałując enzymami, można je dziś rozcinać w wybranym miejscu, sklejać (pasującymi do siebie literami), rozmnażać i wybierać te, które zawierają określony ciąg nukleotydów itp. W 1994 roku metody te znalazły zaskakujące zastosowanie: Leonard Adleman z Uniwersytetu Południowej Kalifornii rozwiązał prosty przypadek starego problemu, znanego pod nazwą problemu dróg Hamiltona w grafie.

Adleman rozważał graf z 7 wierzchołkami i 14 krawędziami. Na początek stworzył siedem 20-literowych łańcuchów DNA reprezentujących wierzchołki. Do reprezentowania krawędzi wybrał także 20-literowe łańcuchy, skomponowane tak, że pierwszych 10 liter „krawędzi” to 10 ostatnich liter wierzchołka, z którego krawędź wychodzi, natomiast ostatnie 10 liter to 10 pierwszych liter wierzchołka końcowego dla danej krawędzi. Dzięki temu łańcuchy odpowiadające sąsiednim krawędziom mogły się łączyć, podobnie jak łańcuchy odpowiadające wierzchołkom mogły się łączyć z łańcuchami krawędzi powiązanych z tym wierzchołkiem – mniej więcej tak, jak pasujące do siebie klocki Lego. Stosując metody manipulacji cząsteczkami DNA, o których była mowa wyżej, Adleman wypreparował najpierw wszystkie drogi w grafie, następnie rozmnożył te, które zawierały wszystkie wierzchołki, aż wreszcie z tych ostatnich wybrał drogi zawierające każdy wierzchołek tylko jeden raz. Co prawda „obliczenia” trwały tydzień (tradycyjny komputer zrobiłby to w ułamku sekundy), ale okazało się, że komputer zbudowany z DNA jest możliwy. Otworzył się nowy kierunek intensywnych badań.

Pierwsze dane są przytłaczające. Ocenia się, że w cząsteczkach DNA można przechowywać dane z gęstością $1 \text{ bit}/\text{nm}^3$, podczas gdy nasze komputery przechowują je z gęstością $1 \text{ bit}/10^{12} \text{ nm}^3$. Co więcej, komputery oparte na DNA mogą działać 1 200 000 razy szybciej niż obecne superkomputery, zużywając przy tym 10^{10} razy mniej energii!

Od pierwszego eksperymentu Adlemana technologia pracy z DNA rozwinęła się na tyle, że zamiast oceanów cząsteczek DNA wystarczą gramy, a zamiast ton kosztownych enzymów wystarczy stosować ich śladowe ilości.

Prace trwają. Jeśli nawet nie należy się spodziewać, że w tym wieku próbki pełne DNA zastąpią elektroniczne maszyny, to wyniki Adlemana i innych otwierają szeroko drzwi do świata komputerów na DNA przeznaczonych do określonych zadań wymagających ogromnej liczby równoległe prowadzonych obliczeń.

Francesc ROSSELLÓ