

COMPUTACIÓN MOLECULAR, ¿UN NUEVO COMIENZO PARA LA TECNOLOGIA?

1stJhon E. López
Escuela de Ingeniería de Sistemas
Universidad Industrial de Santander
Bucaramanga, Colombia
jeld1207@gmail.com

2nd Juan S. Marcon
Escuela de Ingeniería de Sistemas
Universidad Industrial de Santander
Bucaramanga, Colombia
juanmarcon1080@gmail.com

3rd Juliana J. Buitrago
Escuela de Ingeniería de Sistemas
Universidad Industrial de Santander
Bucaramanga, Colombia
juli-29-4@hotmail.com

RESUMEN- La computación molecular o computación basada en ADN, es un tipo de computación inspirada en algunas características básicas de las membranas biológicas de los mamíferos: En un sistema de membranas se colocan múltiples objetos para los cuales su comportamiento está definido por la estructura de la membrana, su evolución está dada por medio de “reglas de reacción” - también asociadas con las membranas vecinas- las cuales se aplican de manera máximamente paralela no determinista. Por lo anterior, el estudio de esta computación se hace prometededor ya que se pueden tratar problemas de complejidad computacional exponencial debido a su gran paralelismo.

PALABRAS CLAVES- Computación en paralelo; membrana computacional; problemas NP-completos; molecular; ADN; computación incorporada; biocomputación.

Abstract—Molecular computing or DNA-based computing is a type of computation that is different in some ways from the current computer models, which is inspired by some basic characteristics of the biological membranes of mammals. In a membrane system, multiple objects are placed which their behavior is defined by the structure of the membrane, and the objects evolve by means of “reaction rules” also associated with the neighboring membranes, and are applied in a most parallel way , not deterministic which makes the study of computing is promising since problems with exponential computational complexity can be treated due to its great parallelism.

Index Terms—parallel computing; membrane computing; NP-complete problems, molecular; DNA; computin emboide; bio-computation.

I. INTRODUCCIÓN

En la actualidad, existen diferentes tipos de computadores lo suficientemente avanzados. Un ejemplo de ellos, son los computadores electrónicos que han resuelto distintos problemas generando avances en la humanidad desde juegos simples hasta complejos aplicativos en diversas áreas científicas o supercomputadoras capaces de ejecutar 1000 millones de instrucciones por segundo (1000 MIPS). Sin embargo, esto no ha sido suficiente para resolver una variedad de problemas que siguen siendo irresolubles; problemas cuya

solución alcanzan un nivel de complejidad que no se puede manejar con soluciones que tienen alto costo, tan alto que ni se intentan resolver. Dichos problemas aun no resueltos, han generado curiosidad en los científicos que llevan años de investigación en el área.

Algunos investigadores principalmente en las ciencias de la computación siguen trabajando para solucionar estos problemas buscando diferentes alternativas incluso llegado al punto de aprovechar los métodos de procesamiento biológico. En otras palabras, emplear la naturaleza humana llevándose a computadores, simulando el procesamiento de información de la vida real. De este modo, es que se ha llegado a pensar en el ADN, en emplear las estructuras biológicas del ser humano para generar avances en la resolución de problemas inmanejables.

La computación molecular o computación basada en ADN, es computación en paralelo que realiza de manera simultánea muchas operaciones, resuelve problemas de naturaliza NP y consume menos energía y espacio. Una demostración de lo que se puede alcanzar con una sola molécula simple de ADN es que necesitará aproximadamente 1000 segundos para ejecutar una instrucción, tiempo para el cual se tendrá una velocidad inferior a 0.001 MIPS demostrando que puede ser mucho más eficiente que una computadora actual.

II. ESTADO DEL ARTE

La computación molecular fue mencionada por primera vez por el físico Richard Feynman -nobel en la conferencia “There’s Plenty of Room at the Bottom” impartida en una reunión de la American Physical Society en Caltech el 29 de diciembre de 1959.[7]- Sin embargo, este complejo campo no fue iniciado inmediatamente hasta que Leonard Adleman de la universidad del sur de california originó el estudio de la computación molecular en 1994. Adleman probó la utilidad, al menos teórica, del uso del ADN para resolver problemas. En particular, logró resolver el problema del “camino Hamiltoniano” de 7 nodos. Adleman fue el creador de una nueva ciencia, una ciencia que garantiza la solución de los problemas con cierta complejidad imposible de solucionar

con las computadoras de silicio. En noviembre de 2001 Ehud Shapiro realizó una simulación bioquímica de una máquina de Turing con moléculas de ADN. Tiempo después, Shapiro desarrolló un proceso por el cual las enzimas Fork-I y ligasa cortan ADN en diferentes longitudes basadas en la presencia de diferentes sustancias químicas. Posteriormente, Shapiro junto a Yaakov Benenson, Binyamin Gil, Uri Ben-Dor, y Rivka Adar realizaron un autómata finito determinista de dos estados basado en ADN el cual al ser unido con un módulo de entrada y salida fue capaz de diagnosticar actividad cancerígena y administrar las drogas para su tratamiento. En el 2007, Yaakov Benenson y su equipo desarrollaron un sistema para construir evaluadores lógicos basados en RNAi universales que operan células de mamíferos.[8]

La función más usual de los nanocomputadores es la monitorización de varias funciones del cuerpo como el ritmo cardíaco, la presión sanguínea, el nivel de azúcar en sangre y la temperatura corporal. En el futuro se espera que, los progresos en tecnología de biocomputadores añadirán capacidad para hacer seguimiento de la composición y estructura sanguínea, midiendo el número de células sanguíneas y otras células como los niveles de oxígeno y carbón de manera similar. El nanocomputador ADN también se espera sea capaz de hacer un acompañamiento del daño de los órganos y la extensión del cáncer, ambos a través de la monitorización de células y la presencia de cepas relacionadas con el cáncer en el mRNA (ARN mensajero) de la zona. Todas estas condiciones deben ser reguladas para garantizar una vida sana, y deben ser especialmente monitorizados en enfermos y ancianos. Actualmente los diabéticos deben testearse ellos mismos de vez en cuando para comprobar el nivel de azúcar en sangre. Los biocomputadores no solo aumentarán la precisión de los procedimientos de testeo sino que también seguirán los niveles de glucosa continuamente sin la dificultad de una aguja.[10]

Al igual que los sensores recogen información en el cuerpo, ellos la transfieren en el cuerpo de un computador ADN, localizado en el pecho, donde diagnostica cualquier irregularidad corporal. Gracias a la capacidad de memoria de los computadores ADN, una base de datos de enfermedades y cuestiones de salud puede ser almacenada en menos espacio que una gota de agua. Esta capacidad de memoria, más de 10 terabytes de datos por centímetro cúbico de ADN, es algo que en estos momentos es imposible, pero que se espera que sea una realidad dentro de 25 años. Una vez que los sensores han transferido la información a el computador, es fácil para él asociar los síntomas con todas las irregularidades medicas conocidas, y presentar un diagnostico de alguna enfermedad o dolencia. Avances modernos en la velocidad de cálculo han hecho esto posible. Actualmente el hecho de asociar los síntomas a las enfermedades requiere bastantes horas, pero con la computación ADN se espera que el diagnostico se consiga en unos segundos.[10]

Una vez que el diagnostico esté hecho, será transferido a una unidad central, localizada en un reloj de pulsera. El proceso es el siguiente: Primero, en el computador ADN (situado en el pecho), el ADN se corta gracias a diferentes enzimas en un código, que refleja los síntomas corporales capturados, y diagnostica. Este código fue creado en 2003 por el Dr. Shapiro, el cual fue el primero en usar enzimas Fork-I y Ligasa para cortar ADN con diferentes longitudes, dependiendo de diferentes síntomas y diagnósticos. Una vez que el ADN está codificado, el computador transmite la información del diagnostico a traves del cuerpo al lugar donde está el reloj. El reloj recoge células de la superficie del cuerpo, que contienen la información. Dentro del reloj, se lee el código ADN, y se convierte a un formato legible y entendible por el ser humano. Una vez que está hecha esta conversión, en el reloj se pueden mostrar las condiciones corporales internas, así como advertencias cuando la homeostasis se interrumpa, o cuando una enfermedad es diagnosticada. Modelos de relojes de pulsera más evolucionados tendrán la capacidad de contacto inalámbrico con servicios de emergencia si un individuo está en serio peligro médico. Además, el historial medico completo del individuo puede ser grabado y mantenido en el reloj para acceder los hospitales y médicos, desterrando para siempre los historiales médicos inexactos e incompletos.[10]

III. MARCO TEÓRICO

A. Bio-tecnología

La biotecnología se refiere a cualquier aplicación tecnológica que utilice sistemas biológicos y organismos vivos o sus derivados para la creación o modificación de productos o procesos para uso específico.

Otra definición es: “La utilización de organismos vivos, o partes de los mismos, para obtener o modificar productos, mejorar plantas o animales o desarrollar microorganismos para objetivos específicos”.

B. Bio-computación

Área de la Bio-Informática que incluye el desarrollo y utilización de sistemas computacionales basados en modelos y materiales biológicos (biochips, biosensores, computación basada en ADN, entre otros). Las computadoras basadas en DNA (computadores ADN) se están empleando para la secuenciación masiva y la detección de diversas enfermedades a partir de la explotación del procesamiento paralelo implícito.

Dentro de la Bio-Computación en la Bio-Informática se encuentran 2 áreas:

- 1. El desarrollo e implementación de herramientas que permitan el acceso, uso y manejo de varios tipos de información.
- 2. La creación de nuevos algoritmos (fórmulas matemáticas) y estadísticos con los que se pueden relacionar partes de un conjunto enorme de datos como por ejemplo métodos para localizar un gen dentro de una secuencia, predecir la estructura o función de distintas

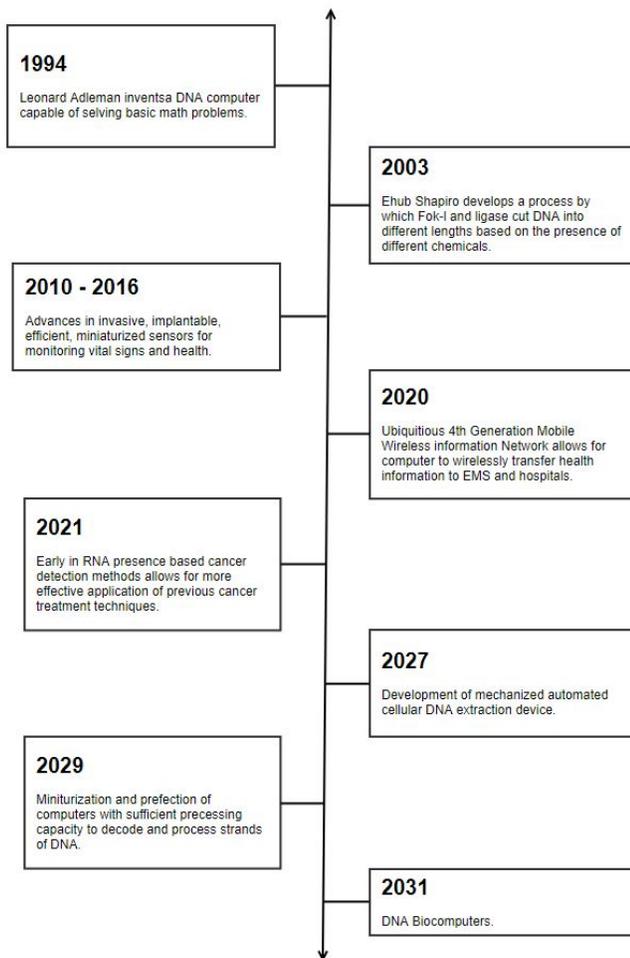


Fig. 1. Línea temporal y predicciones de computación molecular[8]

proteínas y agrupar secuencias de proteínas en familias relacionadas.

Estas fórmulas matemáticas simularán procesos para la identificación de enfermedades. Ésta ciencia no solo va a ayudar con la identificación de enfermedades como actualmente se quiere usar, también evidenciaré el funcionamiento de estos procesos biológicos a tal manera que serán vistos como algoritmos o fórmulas matemáticas.

C. Estructura del ADN

Las moléculas de ADN (ácido desoxirribonucleico) son polímeros constituidos por monómeros llamados nucleótidos. Estos tienen una estructura muy simple construida de tres componentes: azúcar, fosfato y base. Existen cuatro bases distintas: adenina (A), guanina (G), citosina (C) y timina (T). Las moléculas de ADN monocatenario son simplemente cadenas de nucleótidos en las que dos nucleótidos consecutivos se unen mediante un fuerte enlace covalente a lo largo de una "cadena principal" de azúcar-fosfato. Cada hebra individual tiene, según la convención química, un extremo 5' y un extremo 3', por lo que cualquier hebra única tiene una

orientación natural. Esta orientación se debe al hecho de que un extremo de la cadena única tiene un grupo fosfato libre; es decir, no unido a otro nucleótido 5' y, el otro, tiene un grupo hidroxilo 3' desoxirribosa libre.

La característica más importante del ADN es la complementariedad de bases de Watson-Crick. La unión entre cadenas simples se produce por la atracción por pares de bases; A enlazado con T y G con C; por lo tanto, los pares (A;T) y (G;C) se conocen como pares de bases complementarios. Los dos pares de bases forman enlaces de hidrógeno entre sí, dos enlaces entre A y T, y tres entre G y C (figura 3). La doble hélice clásica de ADN (figura 2) se forma cuando dos cadenas separadas se unen. Se deben cumplir dos requisitos para que esto ocurra; Primero, los hilos deben ser complementarios y, en segundo lugar, deben tener polaridades opuestas (ver Fig. 3).



Fig. 2. Estructura del ADN bicatenario[1]

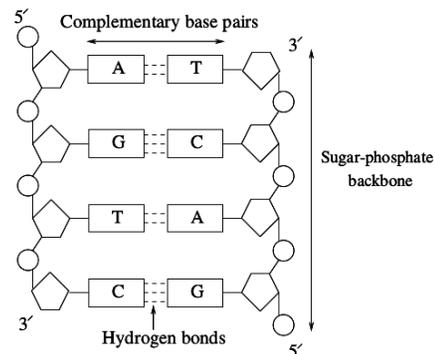


Fig. 3. Estructura detallada del ADN bicatenario [1]

D. Complejidad computacional

Es una rama de la teoría de la computación que estudia los recursos requeridos durante la ejecución de un algoritmo para resolver un problema.

Los recursos comúnmente estudiados son:

- Tiempo : número de pasos de ejecución de un algoritmo para resolver un problema.
- Espacio: cantidad de memoria utilizada para resolver un problema.

El estudio de los procesos computacionales, conduce a una clasificación de los problemas en dos grandes clases: Los problemas con solución y los problemas sin solución. Los

problemas solucionables, requieren gran cantidad de recursos como tiempo y espacio de almacenamiento. El análisis requerido para estimar el uso de recursos de un algoritmo es una cuestión teórica, y por ende, se necesita un marco formal[5]. El formalismo y abstracción constituye un método necesario para la programación considerada como disciplina científica en la que se prioriza la actividad de diseño y razonamiento sobre la de depuración mediante prueba y error en un contexto artesanal.

Los problemas que tienen una solución con orden de complejidad lineal son los problemas que se resuelven en un tiempo que se relaciona linealmente con su tamaño. Actualmente la mayoría de los algoritmos resueltos por las máquinas tienen como máximo una complejidad o costo computacional polinómico, es decir, la relación entre el tamaño del problema y su tiempo de ejecución es polinómica. Éstos son problemas agrupados en la clase P.

Los problemas con costo no polinomial están agrupados en la clase NP. Estos problemas no tienen una solución algorítmica, lo que traduce que una máquina no puede resolverlos en un tiempo razonable. Existe una escala para medir la complejidad que incluye, entre otros: P, Resoluble en tiempo polinómico; P-completo, los problemas más difíciles en P. NP problemas con respuestas positivas verificables en tiempo polinómico y NP-completo, los más difíciles problemas de NP. Muchas de estas clases tienen una co-clase que contiene los problemas complementarios a los de la clase original.

Por ejemplo, si X está en NP, el complemento de X está en co-NP. Sin embargo, no debe entenderse que NP y co-NP sean complementarios; hay problemas que pertenecen a ambas clases, y otros que no están en ninguna de los dos. Cada cierto tiempo se duplica el número de instrucciones por segundo que los computadores pueden ejecutar. Los profanos y no tan profanos piensan que esto puede inducir a muchos programadores a pensar que basta esperar algunos años para que problemas que hoy necesitan muchas horas de cálculo puedan resolverse en pocos segundos, soslayando la necesidad de evaluar y obtener algoritmos eficientes.[2]

E. Computación en paralelo

La computación en paralelo es el nuevo futuro de las computadoras debido a que en la actualidad se busca generar computadoras que tengan bajo consumo de energía, mayor capacidad, menor generación de calor, entre otros problemas, convirtiendo este tipo de computación en la encargada de resolver todo estos paradigmas.

En la actualidad ya no se habla de computación orientada a objetos sino de paralelismo que consiste en la ejecución simultánea de muchas instrucciones en poco tiempo. Esto se basa en el principio “divide y vencerás” que reside en dividir los problemas grandes en varios pequeños y solucionarlos simultáneamente.[3]

A continuación un ejemplo de cómo funciona la computación en paralelo:

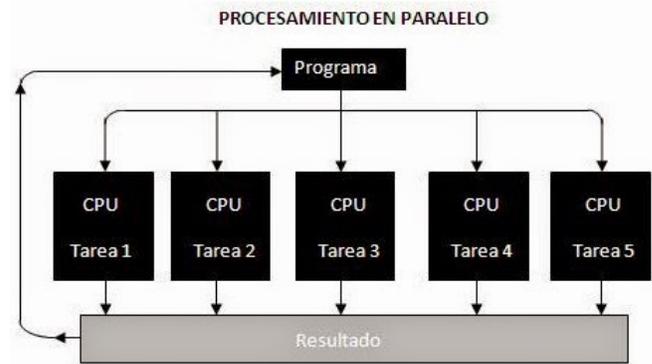


Fig. 4. Procesamiento en paralelo

El principal objetivo de este tipo de computación es la eficiencia. No obstante, esta programación presenta algunas limitaciones como por ejemplo en lo relacionado a generar programas ya que es más difícil de programar en computación en paralelo que en computación secuencial porque es más complejo hacer que estén conectadas las diferentes sub tareas. Por otro lado, las técnicas de programación en paralelo aplican estrategias de descomposición o particionamiento de datos y de cómputo, para dividir un problema en subproblemas de menor complejidad como se había mencionado en párrafos anteriores. Según se enfoque principalmente en la descomposición de datos o de tareas, resulta una técnica diferente de programación paralela.

Las técnicas más difundidas son las de descomposición de dominio y descomposición funcional. La descomposición de dominio, se concentra en particionar los datos del problema dividiéndolos en piezas de (aproximadamente) el mismo tamaño.

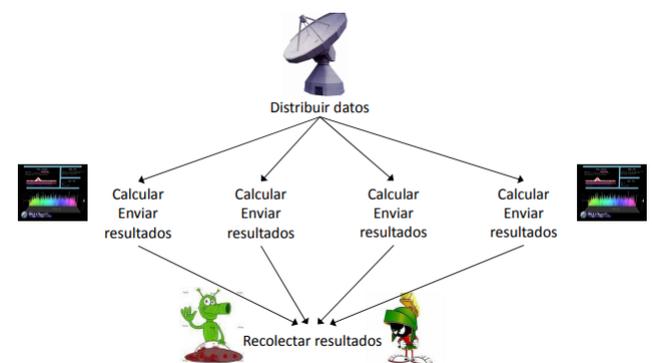


Fig. 5. Descomposición de dominio[4]

La descomposición funcional se concentra en particionar las operaciones del problema, dividiendo el procesamiento en tareas disjuntas. Cada tarea trabaja temporalmente con sus datos locales, pero se requiere comunicación para lograr la cooperación

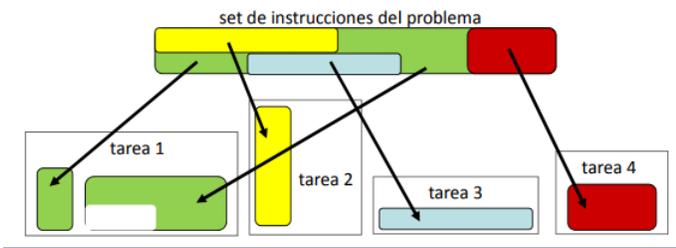


Fig. 6. Descomposición funcional [4]

F. Seguridad de las redes

Las Redes de Computadores tienen como objetivo hacer que todos los programas, datos y equipos estén disponibles para cualquiera de las redes que así lo soliciten sin importar la localización física del recurso y del usuario. En otras palabras, no importará el hecho de que un usuario se encuentre a 1000 km de distancia para que haga uso de los datos con que cuente en diversos dispositivos. Dados los beneficios que produce las redes de computadores se han originado muchos métodos estratégicos para la violación de la seguridad impartida a la red aumentando de esta manera los riesgos de pérdidas o manipulación de la información. Por ello mismo, en la actualidad se están usando más las redes inalámbricas gracias a los celulares inteligentes, al boom de los computadores portátiles, al Internet de las cosas, entre otras.

Las redes inalámbricas como el wifi,lifi, transmiten señales por difusión. Siendo las más usadas y bajo la cuestión de que no se quiere que todos los dispositivos que capten estas señales tengan acceso a nuestra red, se desarrollaron diferentes tipos de seguridades como WEP, WPA, WPA2, entre otras, cuya característica principal es que requieren de una contraseña para el ingreso de los usuarios autorizados.

La manera clásica de penetración de estas redes es llamada fuerza bruta la cual consiste en la comprobación de muchas contraseñas hasta encontrar la correcta. Éste método tiene sus contras ya que la comprobación de miles de contraseñas con la cantidad de caracteres existentes en la actualidad lleva un tiempo bastante largo; a esto se le denota como complejidad computacional (análisis de algoritmos).

La relación entre las clases de complejidad P y NP es una pregunta que la teoría de la complejidad computacional aún no ha podido responder. En esencia, la pregunta de que la clase P sea igual a la clase NP conlleva a que si es posible “verificar” rápidamente soluciones positivas a un problema del tipo SI/NO donde el término “rápidamente” significa “en tiempo polinómico”. Pero, en base a ello, ¿también es posible “obtener” las respuestas rápidamente?. La computación molecular puede acercarnos a esta respuesta ya que ésta es asombrosamente rápida, eficiente y cuenta con capacidades de almacenamiento increíbles. Los computadores moleculares pueden realizar más de un millón de millones de operaciones por segundo, lo que los hace mil veces más rápidos que el más

rápido de los supercomputadores; son mil millones de veces más eficientes que los computadores convencionales.[10]

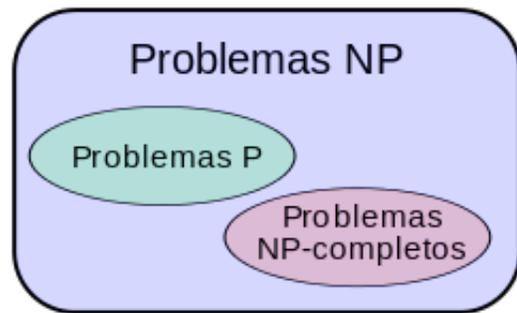


Fig. 7. Diagrama de clases de complejidad para el caso en que $P \neq NP$ [9]

La computación molecular en su esplendor podría llevar a reducir en gran tamaño el tiempo de ejecución de un algoritmo con una complejidad no tratable y como consecuencia podríamos resolver, en tiempos muy cortos, problemas del viajante con miles de ciudades y otros cientos de problemas útiles para los que hoy tenemos algoritmos muy costosos, y eso sería beneficioso para la industria, las comunicaciones y el desarrollo en general. La parte mala es que las claves criptográficas se descifrarían con gran facilidad, y muchas cuentas bancarias y comunicaciones cifradas quedarían expuestas a los amigos de lo ajeno.

En efecto, la criptografía actual depende de un problema de la clase NP, el de la descomposición en factores de un número, para el que no tenemos algoritmos eficientes. El más eficiente de todos tardó 18 meses en descomponer en factores un número de 200 cifras decimales, que son los que se usan habitualmente en criptografía. La seguridad de las claves descansa precisamente en esta dificultad, hoy por hoy insalvable. Si fuera $P=NP$, entonces la descomposición en factores pasaría a ser un problema polinomial y se podría resolver eficientemente. La criptografía tendría que ingeniárselas para basar la seguridad de sus claves en la resolución de algún problema realmente intratable, porque los de la clase NP habrían pasado todos ellos a la categoría de eficientes.[14]

IV. CONTENIDO

Hoy en día existen muchos problemas que se pueden resolver por medio de algoritmos complejos con un alto costo para su solución, ya sean costos espaciales o temporales. Esto se ha convertido en un verdadero reto para la comunidad científica en tanto la disminución de costos dado que al disminuir una de las dos medidas se produce un crecimiento exponencial en la otra. Frente a este problema, surge la necesidad de buscar otros modelos computacionales diferentes al actual (silicio) que sean capaces de reducir ambos parámetros o, al menos, incluir procedimientos en los que el coste alto sea asimilado, en cierto sentido, por el propio modelo en beneficio reducción considerable sobre la otra.

La Computación Natural surge como una de las posibles alternativas a la computación que podríamos denominar clásica, en la búsqueda de nuevos paradigmas que puedan proporcionar una solución efectiva a las limitaciones que poseen los modelos convencionales. Ahora mismo, dentro del concepto de Computación Natural se engloba un conjunto de modelos (figura 8) que tienen como característica común la simulación del modo en que la naturaleza actúa/opera sobre la materia (hay quien extiende este concepto hasta abarcar modelos tales como la computación cuántica que no se ajusta fielmente a la interpretación anterior). Es decir, la Computación Natural estudia la forma en que las diversas leyes de la naturaleza producen modificaciones en determinados sistemas desde hábitats hasta conjuntos de moléculas, pasando por organismos vivos que pueden ser interpretados como procesos de cálculo sobre sus elementos.

Así, un hábitat en el que varias especies de seres vivos conviven, sufre transformaciones con el paso de las generaciones y en donde la interacción entre las especies puede provocar cambios en los elementos que la forman, cambios que pueden afectar desde la distribución de dichas especies en el hábitat hasta la morfología propia de cada especie. Lo anterior, es lo que entendemos como evolución de las especies: un conjunto de moléculas en un entorno con determinadas características (temperatura, salinidad, etc) que pueden evolucionar hacia estados estructuralmente más complejos modificando las características de las mismas dando lugar a reacciones químicas entre ellas que pueden llegar a producir elementos funcionalmente más complejos como son las moléculas de ácido desoxirribonucléico (ADN). [5]

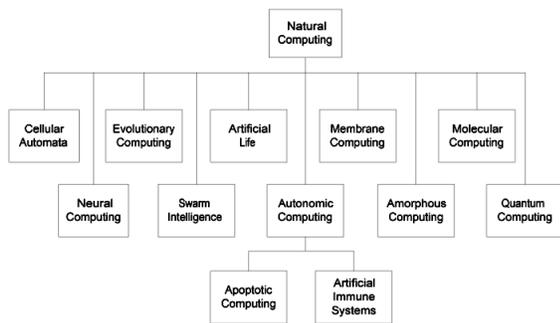


Fig. 8. Modelos de computación natural

En este trabajo hacemos énfasis en la computación molecular basada en el uso de moléculas de ADN como unidades de procesamiento. Es un campo de la ciencia que aún se encuentra en una etapa muy temprana de su desarrollo, pero que desde su nacimiento ha mostrado siempre un gran potencial a largo plazo sobre todo a lo relacionado con la gran cantidad de ejemplos de computación biológica que podemos encontrar en la naturaleza. [6]

A. Potencial

Nuestro cerebro, sólo por mencionar lo primero que nos viene a la cabeza, es el ejemplo por excelencia de sistema de procesamiento biológico. Además en los últimos años nos estamos dando cuenta de que su potencial es aún más inmenso de lo que nos habíamos imaginado. No obstante, su consumo de energía es ínfimo comparado con cualquier sistema de computación artificial. Sabemos que la potencia de nuestro cerebro viene de su capacidad de procesar en paralelo. Esa es precisamente la principal característica de la computación basada en moléculas de ADN. Se usa toda la longitud de la hélice de ADN simultáneamente - cada grupo de genes en paralelo - para realizar operaciones básicas con unidades de información.

B. Teoría y experimentación

Desde la manipulación precisa del ADN hasta las previsiones de rendimiento tienen una cierta base teórica pero carecen de experimentación y constatación práctica debido a algunas limitaciones tecnológicas o de avance de algunas ramas de la ciencia. Esto es algo que suele suceder con las ciencias en auge para las cuales sus fundamentos son demasiado teóricos y tienen aun mucho por hacer para ser fiables. Por eso mismo, el doctor Dominique Chu y el estudiante de doctorado Radu Zabet, de la Escuela de Computación de la Universidad de Kentucky en EEUU, han publicado un estudio en el que analizan la relación entre la velocidad con la que un gen puede propagar la información, los errores producidos en la señal y su coste metabólico. Han encontrado que dado un cierto nivel metabólico o un cierto aporte de energía, existe un balance óptimo entre velocidad y errores de procesamiento. De forma similar, han hallado que fijada una velocidad de procesamiento existe un nivel óptimo en el que se minimizan los errores de cálculo y el coste metabólico.

Este estudio da un paso importante al describir qué factores afectan y de qué manera intervienen en el funcionamiento de un procesador molecular. Como indica el doctor Chu en su nota de prensa : “Hay variedad de diferentes mecanismos mediante los cuales los organismos vivos realizan cálculos, y lo hacen a distintos niveles. Los ejemplos incluyen el sistema nervioso en organismos superiores o incluso proteínas individuales. Entender qué controla la eficiencia y la velocidad de esas computaciones no es sólo de relevancia práctica - por ejemplo, en el contexto de nuevas formas de vida creadas con un propósito de ingeniería - sino que sobre todo provee de una nueva visión de los principios de diseño de los sistemas vivos. ”

C. Equilibrio entre velocidad precisión y energía

El nivel de metabolismo es la cantidad de reacciones químicas que se producen en un entorno celular y se constata como el parámetro que controla el aporte de energía del medio hacia el bioprocesador. Es esencial conocer los parámetros que controlan el nivel de metabolismo y cómo ellos controlan la energía que es utilizada en el proceso.

También es importante, como pasa en los demás modelos de computación, conocer los factores que controlan el nivel de errores en el procesamiento. Todos los sistemas de computación se basan en el uso de un sistema físico/químico continuo con muchos tonos de gris, blanco o negro para llevar a cabo operaciones lógicas discretas. Pero, como el medio físico no es perfecto, y nuestro control sobre él lo es aún menos, en el proceso de traducir los tonos de gris físicos al blanco o negro lógico siempre hay un porcentaje de error.

Como afirma el doctor Chu: "Nuestra investigación demuestra que la velocidad de computadoras biomoleculares está limitada fundamentalmente por el ratio metabólico, su capacidad de procesar energía. Uno de nuestros principales descubrimientos es que una computadora molecular tiene que encontrar un equilibrio entre la velocidad con la que se realiza el cálculo y la precisión del resultado. Sin embargo, un computador molecular puede aumentar su velocidad y su fiabilidad incrementando la energía invertida en ello. En computadores moleculares, esa energía provendría de fuentes de alimento." Afirma además que, éste es uno de los primeros documentos que constata límites fundamentales en computadores biomoleculares. Y termina diciendo: "Queda mucho trabajo por hacer para entender completamente las implicaciones para la computación molecular, pero también para nuestro conocimiento de los principios de diseño del mundo vivo".

En los últimos tiempos, se han venido dando avances más que todo teóricos acerca de la computación incorporada, la cual está basada en computación molecular que se da básicamente para procesos físicos o biológicos mediante la interacción con otros procesos físicos. Un buen ejemplo de esta computación es la difusión. La difusión ocurre de forma natural en muchos fluidos y puede aprovecharse para tareas computacionales como la información de transmisión o la búsqueda masiva paralela. Ambas tareas son computacionalmente intensivas en silicio pero libres en sistemas fluidicos. Otro ejemplo de computación incorporada gratuita es Rajesh Ganapathy y el trabajo de sus colegas que demuestra cómo los cristales coloidales pueden usarse para realizar simulaciones de crecimiento epitaxial altamente precisas.

D. Algunos cambios que se generarían

La computación molecular podría ser se la ola del futuro, contribuyendo a los avances tecnológicos en la informática, química y biología. En la actualidad tiene algunos retos que superar como por ejemplo los materiales que son utilizados, el ADN, ARN o las proteínas no son reutilizables. Otra parte, tienen que superar los errores que produce el ADN, los cuales son producidos una vez en mil millones de pares de las bases, pero la tasa de error puede ser muy bajita y parecer aceptable para hacer algunos tipos de experimentos pueden ser un problema, ya que puede hacer que se generen problemas de cálculo.

La computación ADN tiene sus ventajas, es su enorme paralelismo es decir, el algoritmo de fuerza bruta puede buscar a través de miles de billones de moléculas al mismo tiempo y encontrar una solución correcta, similar a in vitro. Otra es la miniaturización. Y una vez que los procedimientos están bajo control, las materias primas cuestan menos también. "Aquí está la caja de herramientas de la naturaleza", comentó Adleman, "Un montón de pequeñas herramientas que son muy barato; usted puede comprar una cadena de ADN de 100 femtocents".[12]

Por otro lado, si la computación a base de ADN llegará a implementarse para cambiar las computadoras tradicionales, generarían grandes cambios, cambios de impacto como en las industrias de computación, ya que deberían de cambiar los materiales con los que eran producidos las computadoras convencionales, generando una disminución de costos y esta disminución, generaría algún cambio en la economía. También habría cambios en los procesamientos, ya que en la actualidad la mayoría trabaja con procesos secuenciales más no paralelos y este tipo de computación su principal característica es el paralelismo, lo cual obligaría a cambiar todo a paralelismo para poderse utilizar.

Del lado de los avances, se habla de nanocomputadores o nanochips ADN que sean capaces de monitorizar y hacer seguimientos de enfermedades, diagnosticando a los pacientes irregularidades que pueda generarse. Todo esto gracias a la capacidad de memoria de los computadores ADN, una base de datos de enfermedades y cuestiones de salud puede ser almacenada en menos espacio que una gota de agua. Esta capacidad de memoria, más de 10 terabytes de datos por centímetro cúbico de ADN, se espera que el diagnostico se consiga en unos segundos. [13]

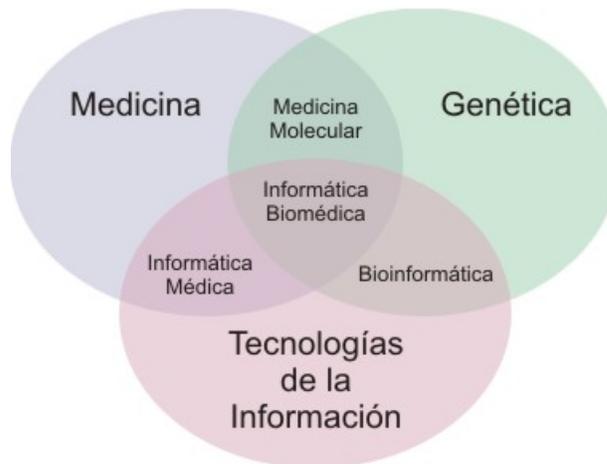


Fig. 9. Computación, informática y medicina.

V. OBSERVACIONES

- La computación natural según los estudios a demostrado ser un nuevo gran avance para le mundo científico y

tecnológico, no solo por sus avances en la computación molecular si no también por las computación neuronal ya que en ellas estás basadas as redes neuronales que están revolucionando hoy en día la inteligencia artificial.

- Con esta biotecnología se busca generar computación que consuma menos energía, menos generación de calor y que tenga mayor capacidad. Capaz de resolver los problemas irresolubles que llevan años de investigación a través de su computación en paralelo, que ejecuta simultáneamente muchas instrucciones en poco tiempo, de este modo convierte estos ordenadores en computadoras de mayor eficiencia comparándolas con computadoras convencionales e incluso con supercomputadoras y de este modo se podrían generar avances científicos a gran escala en diferentes áreas de la ciencia como lo son la biología, la física y la informática.
- Con el desarrollo de esta nueva ciencia se beneficiara la industria las comunicaciones y el desarrollo en general ademas de esto se deberán reformar los sistemas de seguridad de muchas de las plataformas, entidades bancarias ademas, toda la seguridad criptografica. Por otra parte, cabe destacar que la computación molecular no resuelve el problema del milenio ya mencionada, solo nos reduce el tiempo de resolución de algoritmos de complejidad.
- En la actualidad aún no se tienen bases solidas que demuestren la gran efectividad de las aplicaciones que tiene esta computación, pero si se espera que pueda desarrollarse avances tecnológicos como nanochips, nanocomputadoras basadas en ADN capaces de ayudar a controlar y diagnosticar a personas que sufran de enfermedades.

REFERENCES

- [1] Amos, Martyn., Paun, Gheorghe., Rozenberg, Grzegorz., y Salomaa, Arto. (2002). Topics in the theory of DNA computing.
- [2] Cortéz, Augusto. (2004). Teoría de la complejidad computacional y teoría de la computabilidad. *Revista de investigación en sistemas de información*.
- [3] La anatomía de tu computadora. Visible body: Arquitecturas de computadoras. Recuperado de <https://arquitecturadecomputadora.wordpress.com/2013/06/07/computacion-paralela/>.
- [4] Nesmachnow, Sergio. Tutorial: computación de alto desempeño by centro de cálculo, instituto de computación. Recuperado de www.fing.edu.uy/cluster/seminario/2011/presentaciones/tutorial_hpc.pdf.
- [5] Caparrini, Fernando, Sancho. Investigación: Computación Natural. (2016). Recuperado de www.cs.us.es/~fsancho/?p=computacion-natural.
- [6] Caro, Rubén (2009). Importante avance hacia la computación molecular. Recuperado de www.tendencias21.net/Importante-avance-hacia-la-computacion-molecular_a3955.html
- [7] Computación basada en ADN. recuperado de es.wikipedia.org/wiki/Computaci%C3%B3n_basada_en_ADN.
- [8] Turnero, Pablo,. Computación celular. Recuperado de www.monografias.com/trabajos104/computacion-celular-sistemas/computacion-celular-sistemas.shtml
- [9] Complejidad P y NP. Recuperado de es.wikipedia.org/wiki/Clases_de_complejidad_P_y_NP
- [10] Javier Conejero Bañón. Computación Celular. Recuperado de computacionCelular.doc.

- [11] EL TIEMPO. Era de la computación Molecular. Recuperado de <http://www.eltiempo.com/archivo/documento/MAM-267295>
- [12] Adam, J, Ruben., y Laura F. Landweber. (2000). The past, present and future of molecular computing. Volumen 1.
- [13] Conejero, Bañón, Javier,. Computación molecular: aplicaciones de la biotecnología en la informática.
- [14] Marí, Peña, Ricardo. (2017). El problema que los informáticos no han podido resolver en 45 años.