

Sławomir NOWAK

Instytut Informatyki Teoretycznej i Stosowanej PAN

## MODEL NANOSYSTEMU INFORMATYCZNEGO WZOROWANEGO NA SYSTEMACH BIOLOGICZNYCH<sup>1</sup>

**Streszczenie.** Tworząc podstawy systemu nanoinformatycznego można skorzystać z rozwiązań, jakie wypracowały nanosystemy biologiczne. Pierwszym krokiem może być zidentyfikowanie i opisanie z punktu widzenia informatyki tych procesów biologicznych, które dotyczą przetwarzania informacji: od programu DNA do funkcjonowania całego organizmu. Na tej podstawie można stworzyć model systemu. Model takiego systemu jest zbliżony do modelu obiektowego oraz oparty jest na koncepcji sterowania przepływem danych. W artykule podjęto próbę opisanie takich biologicznych procesów informatycznych i stworzenia modelu systemu nanoinformatycznego.

**Słowa kluczowe:** nanotechnologia, nanosystemy.

## MODEL OF THE INFORMATICS NANOSYSTEM BASED ON THE BIOLOGICAL SYSTEMS

**Summary.** In order to create a working nanoinformatics system one can use samples existing biological nanosystems. The first step is the identification and description of these biological processes which concern the data processing from the informatics point of view: starting from a DNA program, finishing with a function of the whole organism. On this basis one can create the model of system. Such a model is similar to the object programming model. The model is also based on the data flow system conception. In the article the problem of biological informatics processes and the development of the nanoinformatics systems' model are described.

**Keywords:** nanotechnology, nanosystems.

<sup>1</sup> Artykuł jest częścią projektu badawczego KBN nr 7 T11C 017 21

## 1. Wprowadzenie

Podjmując próby zdefiniowania i opisanego procesów informatycznych zachodzących w organizmach biologicznych trzeba sobie uświadomić zasadnicze różnice między celami dla technicznych i biologicznych systemów informatyki. Algorytmy realizowane we współczesnych komputerach to zbiory określonych operacji matematycznych na wskazanych danych, natomiast algorytmy realizowane w nanosystemach informatyki to zbiory operacji technologicznych na argumentach, którymi są elementarne cząstki materii, molekuly i atomy. Zbiory operacji są takie, że po ich wykonaniu otrzymujemy jako wynik produkt materialny [1].

Trudne jest wyróżnienie części logicznej (informatycznej) systemów biologicznych niezależnej od ich fizycznej implementacji. Dodatkowo, kontrola nad wykonaniem programu genetycznego jest przeważnie ograniczona do pewnego niskiego poziomu, związanego z tworzeniem sekwencji aminokwasów. Proces tworzenia białek może także podlegać pewnym mechanizmom kontrolnym w bardzo ograniczonym stopniu. Opiera się on głównie na samoorganizacji struktur, które wykształciły się w wyniku długiego procesu „prób i błędów”, w warunkach doboru naturalnego. Rola systemu informatycznego ogranicza się do zapoczątkowania procesów samoorganizacji (zbudowanie liniowej, I-rzędowej struktury białka), z ograniczoną kontrolą podczas ich przeprowadzania.

Procesy samoorganizacji nie ograniczają się jedynie do tworzenia struktur elementarnych (białek), lecz dotyczą organizacji w większe obiekty, organy, organizmy. Otwartą kwestią pozostaje, czy możliwe jest planowanie takich procesów i przewidywanie ich efektów.

Omawiając problem nanosystemu biologicznego należy zdefiniować i opisać podstawowe pojęcia [3]:

**Genom** – cała informacja żywego organizmu, zapisana w postaci kodu DNA. Podwójny łańcuch DNA nie stanowi bezpośrednio części logicznej systemu, gdyż w danym fragmencie tylko jedna strona zawiera informacje użyteczne, odpowiadająca jej druga strona stanowi uzupełnienie, nie kodujące informacji. Można znaleźć analogię do systemów kontroli błędów w systemach technicznych (np. bity parzystości). Podobnie w organizmach biologicznych, podwójny łańcuch DNA może służyć zabezpieczeniu tekstu programu i usuwaniu uszkodzeń.

**Symbole terminalne** – nukleotydy (w porównaniu do dwóch, w systemach technicznych) A, C, G, T w przypadku DNA oraz A, C, G, U w przypadku RNA (gdzie T odpowiada C).

**Kodon** - słowo genetyczne, składa się z trzech nukleotydów, które w przypadku sekwencji kodującej gen oznaczają jeden z 20 aminokwasów lub sekwencję sterującą. W przypadku systemów technicznych można wyróżnić np. 8, 16, 32 - bitowe słowa.

**Aminokwas** - podstawowe jednostki strukturalne białek. Liczba możliwych do wytworzenia aminokwasów jest bardzo duża, systemy biologiczne operują jednak na 20 podstawowych „cegiełkach”. Charakteryzują się różnymi właściwościami i różnią się budową (od prostych do bardzo złożonych chemicznie). Najlepszą analogią dla aminokwasów jest zbiór elementarnych narzędzi, z których budowane są jednostki wyższego rzędu (białka).

**Tabela kodu genetycznego** - przyporządkowuje sekwencje nukleotydów do poszczególnych aminokwasów oraz słów sterujących, tak jak to występuje w komórkach podczas procesów transkrypcji. Przyporządkowanie to jest ścisłe (choć istnieją wyjątki) i obowiązuje we wszystkich organizmach żywych. Tabelę taką można porównać do znanej z systemów technicznych tabeli znaków ASCII. Porównując tabelę kodu genetycznego do tabeli ASCII należy znów uwzględnić różnicę pomiędzy kodowaniem informacji a bezpośrednim kodowaniem struktur materialnych, jakimi są białka.

## 2. Program działania komórki i jego organizacja

Podstawową jednostką organizacyjną dla organizmów żywych jest **komórka**. Pomijając problemy związane z rozmnażaniem (komórki macierzyste), każda komórka pełni określoną funkcję, w ramach większej struktury. Funkcje pełnione przez poszczególne komórki są różne, różny jest też program ich działania. Każda komórka posiada jednak w swojej strukturze kompletny kod DNA organizmu. Dlatego też określone mechanizmy powodują, że w ramach całego DNA dostępne są tylko fragmenty potrzebne do działania komórki, zorganizowane w domeny. Pozostała informacja DNA zwinięta jest w gęstą strukturę i dostęp do niej nie jest możliwy [4].

Rozwiązanie takie, z punktu widzenia działania systemu nanoinformatycznego, odpowiada kompresji niewykorzystywanych danych i zmniejszeniu czasu dostępu do informacji. Program DNA obejmuje zarówno sekwencje kodujące białka (geny), jak również sekwencje niekodujące (informacje kontrolne). Można ją porównać do pamięci stałej ROM, z tą różnicą, że w pewnych przypadkach (np. infekcja wirusów) następuje zmiana zawartego w DNA programu. Sekwencje kodujące geny zawierają opis ich struktury liniowej, składającej się z ciągu aminokwasów, zapisanych za pomocą trójek nukleotydowych, zgodnie z tabelą kodu genetycznego. Niektóre geny, ważne dla działania komórki, mogą być zapisane wielokrotnie, co ułatwia ich wyszukanie w ramach programu DNA.

Sekwencje niekodujące zawierają informacje sterujące wykonywaniem programu genetycznego. Wskazują początek i koniec sekwencji zawierającej gen oraz sekwencje warunkowe, pozwalające (lub nie) na odczytanie danego fragmentu (jednego lub zestawu

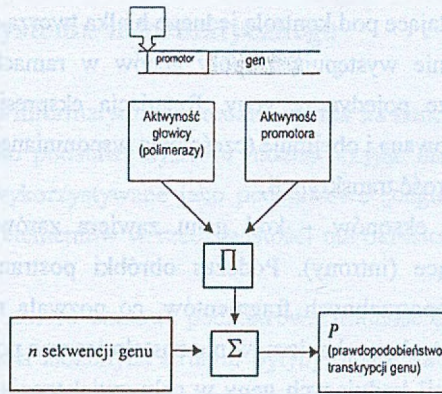
genów). Sekwencje te mogą się różnić aktywnością, z jaką pozwalają się odczytać, co pozwala na odczytanie fragmentu z określonym prawdopodobieństwem.

Realizacja programu zawartego w DNA polega na ekspresji (udostępnieniu informacji) określonych fragmentów (genów) i zbudowaniu białka, mającego określony wpływ na działanie komórki (wykształcenie cechy, działanie kontrolne itp.). Proces realizacji programów genetycznych jest bardzo złożony. Uproszczeniem jest schemat, w którym z dwuniciowego łańcucha DNA transkrybowany jest jednoniciowy RNA, a następnie, w wyniku translacji, tworzone jest białko [1].

Dokładniejszy obraz zdarzeń związanych z realizacją programów genetycznych obejmuje wiele etapów, w których można wyróżnić liczne **punkty kontrolne**, regulujące mechanizm ekspresji genów. Istnienie mechanizmów kontroli stanowi istotny element nanoinformatycznego systemu biologicznego. Aby aktywować gen, spełnione muszą być określone warunki (w zależności od stanu jakościowego, ilościowego oraz aktywności białek enzymatycznych). Podobnie przy tworzeniu białka, jego struktury przestrzennej, procesach deaktywacji i niszczenia białek i RNA (gdy spełniły już swoją funkcję). Ogólnie można powiedzieć, że sterowanie w systemie biologicznym (podobnie jak w niektórych systemach technicznych informatyki) opiera się na **przesyśle komunikatów** pochodzących ze źródeł zewnętrznych i komunikatów pomiędzy elementami realizującymi poszczególne fragmenty programu, w ramach komórki lub jądra.

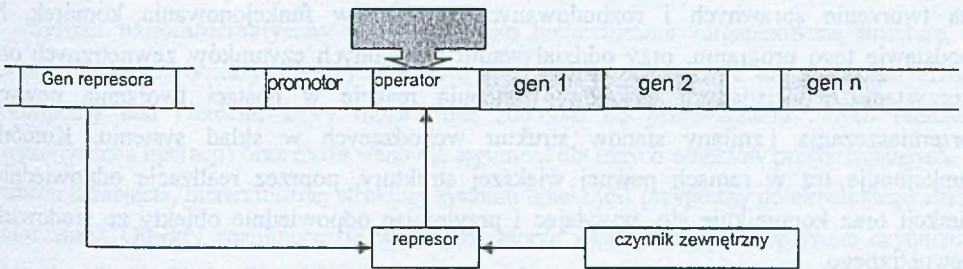
Jako przykład takiej kontroli można podać regulację na poziomie transkrypcji. Sekwencja każdego genu (lub grupy genów) poprzedzona jest odcinkiem, zwanym **promotorem**, do którego przyłącza się specjalna głowica odczytująca sekwencję genu i dokonująca transkrypcji (zwana polimerazą). Format promotorów charakteryzuje się jednak różną aktywnością, określającą prawdopodobieństwo odczytania sekwencji. Podobnie polimerazy, spełniające rolę analogiczną do głowic odczytujących, charakteryzują się różną aktywnością. Dodatkowo, sekwencja genu może być zapisana w programie genetycznym  $n$  razy, co zwiększa prawdopodobieństwo jego transkrypcji. Jeśli weźmiemy pod uwagę, że część genów syntetyzowana jest przez cały cykl życia komórki, niezależnie od warunków zewnętrznych (takie geny nazywamy konstytutywnymi), to można wprowadzić pierwszy, uproszczony schemat tego etapu sterowania (rys. 1). Należy dodać, że aktywność głowicy może być różna, natomiast aktywność promotora jest stała (zapisana w kodzie programu DNA).

Większość genów zapisanych w programie genetycznym potrzebna będzie tylko w pewnych sytuacjach, np. w odpowiedzi na brak lub nadmiar pewnych substancji w komórce. Wymaga to czasowego i warunkowego blokowania lub odblokowania pewnych fragmentów DNA [6].



Rys.1. Kontrola udostępnianie informacji genetycznej  
 Fig. 1. The control of the genetic data access

W programie DNA organizmów prostszych (*Procariota*) występują określone sekwencje, które razem stanowią grupę zwaną **operonem** [4]. Operon składa się z grupy genów tworzących pewną funkcjonalną całość oraz sekwencji odpowiadającej za warunkowe umożliwienie odczytu powiązanej z nią grupy genów. Cały operon tworzy funkcjonalną całość (rys.2).



Rys.2. Schemat operonu  
 Fig. 2. The *operon* schema

Sekwencja genów pozostaje pod kontrolą innego genu (represora), który może być położony w odległym miejscu programu DNA i jest transkrybowany konstytutywnie. Aktywność represora zależy od wystąpienia określonego czynnika zewnętrznego (induktora). Są możliwe dwa przypadki: wystąpienie czynnika induktora w połączeniu z represorem blokuje dostęp do sekwencji genów lub wystąpienie czynnika zewnętrznego w połączeniu z represorem uwalnia dostęp do sekwencji genów.

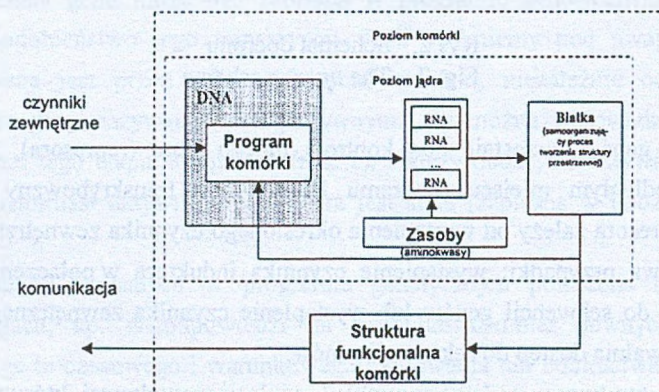
Mechanizm ten tworzy podstawowy układ regulacji warunkowej, który można porównać do sekwencji **if** lub **if not** w programach komputerowych.

Grupy operonów pozostające pod kontrolą jednego białka tworzą regulony. W organizmach złożonych (u *Eucariota*) nie występują zespoły genów w ramach jednego operonu, lecz transkrypcji ulegają zawsze pojedyncze geny. Regulacja ekspresji tych genów jest więc znacznie bardziej skomplikowana i obejmuje (częściowo wspomniane wcześniej) [3]:

- wpływanie na szybkość transkrypcji;
- zmienne składanie eksonów – kod genu zawiera zarówno sekwencje kodujące (eksony), jak i niekodujące (introny). Podczas obróbki postranslacyjnej matrycy RNA następuje pozbycie się niepotrzebnych fragmentów, co pozwala na wariantową realizację białek. Dokładne działanie tych mechanizmów nie zostało jeszcze poznane;
- powielanie sekwencji kodujących geny w celu zwiększenia ich produkcji, może też dochodzić do zwielokrotniania pewnych sekwencji podczas cyklu życia komórki;
- wpływanie na stabilność RNA.

### 3. Działanie biologicznego systemu informatycznego

Ogólnie organizację i działanie systemu komórkowego można przedstawić jak na rys. 3. Opisane wcześniej reguły tworzenia i udostępniania informacji zapisane w DNA pozwalają na tworzenie sprawnych i rozbudowanych programów funkcjonowania komórek. Na podstawie tego programu, przy oddziaływaniu określonych czynników zewnętrznych oraz korzystaniu z posiadanych zasobów, następują reakcje w postaci tworzenia nowych, przemieszczania i zmiany stanów struktur wchodzących w skład systemu. Komórka funkcjonuje też w ramach pewnej większej struktury, poprzez realizację odpowiednich funkcji oraz komunikuje się, wysyłając i przyjmując odpowiednie obiekty ze środowiska zewnętrznego.



Rys.3. Schemat biologicznego systemu informatycznego (poziom komórki)  
 Fig. 3. The biological informatics system schema (cell level)

## 4. Model nanosystemu informatycznego

Model nanosystemu informatycznego można oprzeć na koncepcji sterowania opartego na przepływie danych. Jako podstawę systemu można przyjąć elementarny zbiór  $Z$  obiektów (molekuł). Będą one wykorzystywane jako podstawowe „cegiełki” do budowy wszystkich struktur. Każdy z tych elementów w rzeczywistości ma określone, elementarne właściwości fizyczne i chemiczne.

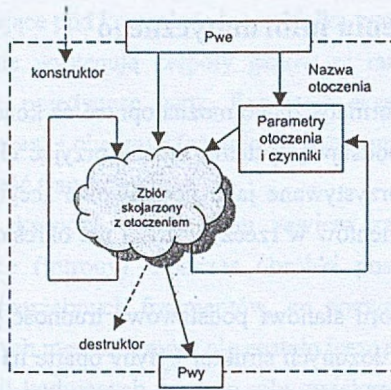
Stworzenie takiego zbioru stanowi podstawową trudność przy tworzeniu technicznych nanosystemów. Własności złożonych struktur byłyby oparte na własnościach ich elementów składowych (aktywność chemiczna, budowa, zdolność do gromadzenia ładunków elektrycznych itp.). W przypadku proponowanego modelu, zgodnie z koncepcją systemu opartego na przepływie danych, można zdefiniować własności jako zbiór operacji, które może wykonać na innych obiektach w systemie, po spełnieniu określonych warunków.

Model odzwierciedla więc zbiór materialnych obiektów. Obiekty stanowią operacje przetwarzające oraz jednocześnie argumenty dla tych operacji, składając się na złożony system powiązany wzajemnymi sprzężeniami i zależnościami. Model takiego systemu jest zbliżony do modelu obiektowego, który sam w sobie stanowi dobre odzwierciedlenie zjawisk zachodzących w rzeczywistości.

System nanoinformatyczny rozumiemy jako hierarchicznie zorganizowaną strukturę, na którą składają się obiekty i zbiory obiektów. Jako **obiekt w systemie nanoinformatycznym** rozumiemy taki element, który może mieć zdolność do przetwarzania innych obiektów (wykonywania operacji) oraz może stanowić argument dla innych obiektów przetwarzających. W ramach istniejącej, hierarchicznej struktury systemu obiekt jest przypisany do określonego zbioru (**otoczenia**). Obiekty znajdujące się w danym zbiorze znajdują się pod wpływem czynników, których wartość jest określona i dostępna w zbiorze (np. temperatura).

Można wyróżnić w systemie zbiór **obiektów elementarnych**, które stanowią argumenty dla operacji przetwarzania, dokonywanych przez inne obiekty (stanowią materiał do budowy obiektów złożonych) i ich zbiór operacji jest pusty. W systemie może znajdować się określona liczba poszczególnych obiektów elementarnych, charakteryzowanych przez swoją nazwę, podobnie jak zbiór 20 aminokwasów w systemach biologicznych.

**Obiekty złożone** charakteryzują się zdolnością do wykonywania operacji na innych obiektach, będących argumentami. Same mogą także stanowić argumenty dla innych obiektów. Ogólny schemat obiektu może być następujący (rys.4).



Rys.4. Schemat obiektu

Fig. 4. The object schema

$P_{we}$  – punkt wejścia do obiektu. Obiekt posiada określoną liczbę argumentów (innych obiektów), które potrzebne są do wykonania zdefiniowanych operacji przetwarzania.  $P_{we}$  określa zdolność obiektu do „zauważania” obiektów – argumentów, znajdujących się w jego otoczeniu. Za pomocą  $P_{we}$  obiekt aktualizuje skojarzony ze sobą zbiór obiektów.  $P_{we}$  określa także, jak widziane będą w obiekcie czynniki zewnętrzne.

**Zbiór skojarzony z obiektem** odzwierciedla stan otoczenia obiektu (zbiór obiektów potrzebnych do wykonania operacji) oraz „zawartość” obiektu, czyli obiekty, które zostały pobrane z otoczenia na czas wykonywania operacji. Obiekty znajdujące się w otoczeniu mogą też być reprezentowane przez określenie stężenia obiektów w otoczeniu (określenie ich liczby). Obiekt w zbiorze skojarzonym może mieć status:

„zaobserwowany” – znajduje się w otoczeniu i może zostać wykorzystany do wykonania operacji, jeśli spełnione zostaną odpowiednie warunki i zgromadzony zostanie komplet argumentów;

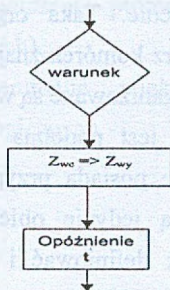
„zawłaszczony” – obiekt zostaje usunięty z otoczenia i jest wykorzystywany do wykonania danej operacji. Po jej wykonaniu może powrócić do otoczenia lub zostać usunięty (przetworzony – staje się częścią innego obiektu);

„uwolniony” – obiekt zostaje uwolniony po wykonaniu operacji (może to być nowo utworzony obiekt w wyniku wykonania tej operacji) i zostanie przekazany do otoczenia przez Punkt wyjścia.

**Parametry obiektu i czynniki** obejmują niematerialne czynniki zewnętrzne, które mają wpływ na wykonywane operacje (np. temperatura) oraz inne parametry obiektu, na przykład fazę w jakiej się aktualnie znajduje. Faza obiektu odzwierciedla przemiany, jakim mogą być



poddawane obiekty w systemie, na przykład kształtowanie się przestrzennej struktury białek (4 fazy).



Rys.5. Schemat operacji

Fig. 5. The operation schema

**Zbiór operacji** – określa funkcje obiektu w systemie jako zdolność do przekształcania argumentów (obiektów) oraz siebie samego w inne obiekty np. o innych własnościach. Operacje w obiekcie przedstawia rys. 5.

Aby operacja została przeprowadzona musi zostać spełniony określony **warunek**. Warunkiem jest spełnienie w zbiorze skojarzonym z obiektem odpowiednich argumentów i wystąpienie odpowiednich czynników (stan parametrów). Dodatkowo można określić pewne prawdopodobieństwo  $P(x)$ , z jakim może rozpocząć się faza wykonywania operacji (opisana wcześniej analogia do systemów biologicznych – inicjowanie transkrypcji genów z określonym prawdopodobieństwem).

Sama **operacja** dokonuje przekształcania zbioru argumentów wejściowych (następuje zmiana w zbiorze elementów skojarzonych). W jej wyniku może dojść do usunięcia lub stworzenia nowych obiektów w systemie oraz zmiany parametrów obiektu (np. fazy). Może też dojść do zniszczenia (rozpadu) obiektu (rozpoczęcie zdefiniowanej sekwencji **destruktora** z ewentualnym uwolnieniem „zawłaszczonych” obiektów do otoczenia). Destruktor pełni również istotną rolę w przypadku realizacji podziałów obiektów.

Oprócz sekwencji destruktora, w obiekcie wyróżniony jest też **konstruktor**, który realizuje sekwencję związaną z tworzeniem obiektu (ustalenie parametrów i zbioru obiektów skojarzonych).

Wykonanie operacji wymaga określonego czasu, stąd zanim dokona się dana operacja, musi upłynąć czas  $t$ , będący **opóźnieniem operacji**.

Ostatni z elementów, **punkt wyjścia** z obiektu decyduje o przekazaniu wyników operacji (uwolnionych obiektów) do otoczenia. Standardowym zadaniem punktu wyjścia jest przekazywanie do otoczenia obiektów, które posiadają status „uwolniony”, jako wyników operacji przetwarzania.

► Każdy obiekt należy do określonego otoczenia. Otoczenie jest to zbiór obiektów, znajdujący się na odpowiednim poziomie hierarchii w ramach systemu. Elementem takiego zbioru może też być inne otoczenie. Taka organizacja ma odpowiadać organizacji w systemach biologicznych. Wewnątrz komórek znajdują się struktury białkowe, dokonujące odpowiednich operacji. Komórki zorganizowane są w organy, organy tworzą całe organizmy.

Logiczna organizacja otoczenia jest podobna do organizacji pojedynczego obiektu. Różnica jest taka, że otoczenie nie posiada przypisanych sobie operacji, gdyż zgodnie z przyjętą zasadą, operacje dotyczą jedynie obiektów. Rozwijając koncepcję systemu nanoinformatycznego można jednak definiować i traktować niektóre zbiory w systemie (otoczenia) jako obiekty złożone, przypisując im operacje „wyższego poziomu”. Dodatkowo, w punkcie wyjścia z otoczenia zdefiniowana jest lista obiektów, które po spełnieniu określonych warunków, może przekazać „na zewnątrz” (do kolejnego otoczenia). Dodatkowe operacje „zawłaszczania” obiektów z otoczenia będzie pełnił także punkt wejścia.

W komórkach organizmów żywych występuje błona komórkowa, będąca rodzajem filtra, przekazując określone struktury pomiędzy komórkami (punkt wejścia i wyjścia).

Opierając się na przedstawionym modelu można z jego pomocą przedstawić niektóre mechanizmy systemów biologicznych, które mogłyby mieć zastosowanie w przyszłych systemach nanoinformatycznych.

Podstawową rolę w systemach biologicznych pełni DNA, jako program działania i budowy wszystkich organizmów żywych. W zależności od funkcji komórki w organizmie i określonych czynników udostępniana jest informacja o budowie odpowiedniego białka w postaci wygenerowania matrycy RNA.

W omawianym systemie można umieścić odpowiednie obiekty (DNA), ze zdefiniowanymi operacjami odpowiadającymi ze wygenerowanie odpowiednich matryc (obiektów RNA), z których zostaną utworzone struktury (obiekty białek). Obiekty białek pełniłyby bardziej złożone role, odpowiadając za funkcje poszczególnych komórek (obiektów otoczeń).

Fizyczna organizacja DNA jest bardzo złożona. Z punktu widzenia modelu można rozważyć albo stworzenie odpowiednio złożonego obiektu (operacjami), albo logicznego podziału DNA na części (kilka obiektów DNA z podzielonymi operacjami).

Pewnym problemem jest liniowy charakter DNA. Liniowo zapisany program DNA jest przeszukiwany za pomocą odpowiednich głowic odczytujących (polimeraz). Można się też spodziewać, że w technicznych systemach nanoinformatycznych dostęp do poszczególnych sekcji informacji również będzie miał charakter sekwencyjny, co powinno mieć odzwierciedlenie w modelu DNA (nierównomierny, zależny od położenia polimeraz i organizacji DNA, rozkład prawdopodobieństw odczytania konkretnych informacji).

Korzystając z zaproponowanego modelu można odtworzyć mechanizmy warunkujące ekspresję poszczególnych genów (z różnym stopniem szczegółowości – od prostych mechanizmów związanych z aktywnością promotora, do operonów i bardziej skomplikowanych układów warunkujących).

W ten sposób można odzwierciedlić większość mechanizmów związanych z funkcjonowaniem nanosystemów biologicznych.

## 5. Uwagi i wnioski

Bezpośrednie wykorzystanie nanotechnologii biologicznej wydaje się trudne, możliwe jedynie w wąskim zakresie (manipulacje genetyczne) i to nawet nie ze względu na trudności interpretacji i tworzenia sztucznych programów genetycznych, lecz ze względu na jej specyfikę. Specyfika ta obejmuje kształtowanie się obiektów (organizmów) w wyniku doboru naturalnego, a nie w wyniku zaplanowanych procesów. Własności obiektów (organizmów) kształtują się także w warunkach narzucanych przez środowisko, a nie w wyniku „nadania”, zaplanowania takich, a nie innych cech. Wreszcie specyfika ta jest obecna na wszystkich poziomach organizacji organizmów, zaczynając od zawartości programów genetycznych.

Przy analizie systemów biologicznych zwracają uwagę liczne analogie do systemów technicznych związanych z przetwarzaniem danych. Najłatwiej wyobrazić sobie systemy biologiczne jako systemy sterowane przepływem danych (obiektów materialnych) oraz systemu obiektowe.

Na podstawie obserwacji i wyszukiwania analogii można zaproponować model funkcjonowania takiego systemu z punktu widzenia systemów informatyki, uwzględniając złożony, dynamiczny i hierarchicznie zorganizowany układ zależności pomiędzy obiektami tworzącymi taki system. Korzystając z takiego modelu można przeprowadzić badania symulacyjne, które pomogą w sformułowaniu założeń dla przyszłych nanotechnicznych systemów informatyki – między innymi korzystając z gotowych rozwiązań biologicznych. Należy dodać, że modele symulacje działania komórek są tworzone [5], lecz obejmują bardzo ściśle odwzorowanie procesów chemicznych i fizycznych, nieistotne z punktu widzenia informatyki.

W dalszych pracach planowane jest opracowanie odpowiedniego symulatora, za pomocą którego możliwe będzie odtworzenie procesów biologicznych, a także zbadanie innych rozwiązań, mogących mieć zastosowanie w nanotechnologii.

## LITERATURA

1. Węgrzyn S., Winiarczyk R.: Nanosystems of Informatics Controlling the Molecular Nanotechnologies. Archive of the Theoretical and Applied Informatics, Gliwice 2002, s.43-56.
2. Węgrzyn S.: Niektóre rozwiązania w dziedzinie nanoinformatyki na przykładzie systemów biologicznych. Studia Informatica, Vol. 23, No. 2A(49), Gliwice, 2002.
3. Węgleński P. (praca zbiorowa): Genetyka molekularna, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 2002.
4. Lewiński W.: Molekularne podłoże biologii. Wydawnictwo OPERON, Rumia 2001.
5. Takahashi K. (praca zbiorowa): Computational challenges in cell simulation. IEEE Intelligent Systems, 2002.
6. Brown T.A.: Genomes. BIOS Scientific Publishers Limited, North Yorkshire, UK, 1999.

Recenzent: Dr inż. Jarosław Francik

Wpłynęło do Redakcji 15 kwietnia 2003 r.

## Abstract

In order to create a working nanoinformatics system one can use as samples existing biological systems, based on nanotechnology, and that have worked for millions of years.

The first step is the identification and description of these biological processes which concern the data processing from the informatics point of view: starting from a DNA program, finishing with a function of the whole organism. On this basis one can create the model of nanoinformatics system. Such a model is similar to the object programming model, which is the good reflection of the reality. The model is also based on the data flow system conception. In the article the problem of biological informatics processes and the development of the nanoinformatics systems' model are described.

## Adres

Sławomir NOWAK: Polska Akademia Nauk, Instytut Informatyki Teoretycznej i Stosowanej,  
ul. Bałtycka 65, 44-100 Gliwice, Polska, [emanuel@iitis.gliwice.pl](mailto:emanuel@iitis.gliwice.pl).