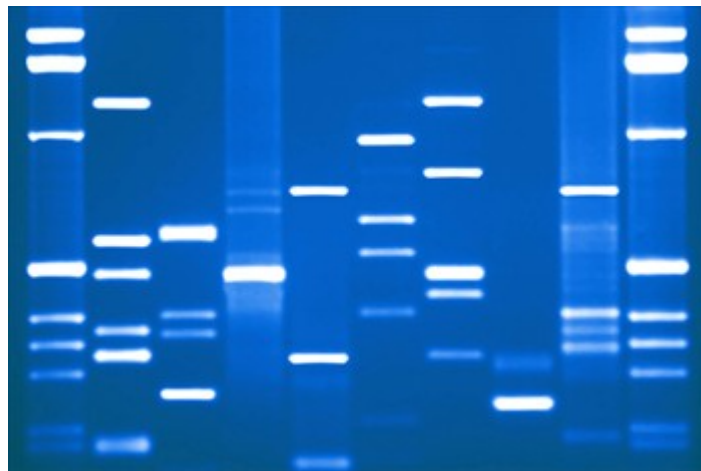


DIE DNA-FESTPLATTE

Ein Konzeptentwurf



Jannik Altgen

Marienschule Opladen

2008/2009



Titelbild ist Eigentum der DNA11 Inc.

INHALTSANGABE

A Biologie Facharbeit.....	2
1 Einführung.....	2
2 Biologischer Hintergrund.....	4
2.1 Synthetisieren von DNA.....	4
2.2 Herstellung synthetischer Proteine.....	4
2.3 DNA Sequenzierung.....	5
2.4 DNA-Struktur und Eigenschaften.....	5
2.5 Eigenschaften von Nucleotiden.....	6
3 Technischer Hintergrund.....	6
3.1 Funktionsweise moderner Festplatten.....	6
3.2 Datenverarbeitung.....	6
4 Konzeptentwurf.....	7
4.1 Geometrie.....	7
4.1.1 Platten.....	7
4.1.2 Lese/Schreibvorrichtung.....	7
4.1.3 Die DNA-Struktur.....	8
4.1.4 Gehäuse.....	8
4.2 Funktion.....	9
4.2.1 READ.....	9
4.2.2 SCAN.....	10
4.2.3 WRITE.....	11
5 Leistungsanalyse.....	12
5.1 Speicherkapazität.....	12
5.2 Lesegeschwindigkeit.....	13
6 Abschlussbewertung.....	14
6.1 Grundlagenforschung.....	14
6.2 Investitionshöhe.....	14
6.3 Bewertung.....	14
B Quellenverzeichnis.....	16
C Rechtliche Bestimmungen.....	16

A BIOLOGIE FACHARBEIT

1 EINFÜHRUNG

Kein Informationsmedium hat sich in den letzten 25 Jahren so schnell entwickelt wie der Computer. Prozessorgeschwindigkeiten übersteigen ein Vielfaches dessen, was bei den ersten elektronische Rechenmaschinen üblich war und die Kapazität unserer Datenspeicher hat erst kürzlich ein Terabyte überschritten. Diese rasante Entwicklung wird auf absehbare Zeit nicht aufhören und fordert der Technik daher immer schnellere, leistungsfähigere Systeme ab.

Auf Servern können multiple Prozessoren heute 500GB/s und mehr erreichen, aber 500GB sind bereits so viel, dass man bei dieser Rate in 2s die größte normal verfügbare Festplatte füllen würde. Das Problem: mangelnder Speicherplatz.

Das Makromolekül DNA hat seit der Entstehung des Lebens das essentielle Speichermedium für Erbinformation bereit gestellt und somit die Evolution des Lebens ermöglicht. Seit 4,5 Milliarden Jahren sind die „Programme“ des Lebens in Form von Nucleotidsequenzen gespeichert. Die DNA hat sich somit als hervorragendes Medium erwiesen, um große Informationsmengen effizient und redundant zu speichern. Dies liegt im Besonderen an dem quaternären System, dessen sich die DNA bedient. Wäre es möglich, dieses System für Computer zugänglich zu machen, wüchse die verfügbare Speicherkapazität exponentiell.

Die Idee zu dieser Arbeit entstand in einer Biologie LK Unterrichtsstunde in Amerika, während der der Fachlehrer anmerkte, wir sollten nur einmal überlegen, welches Potential im DNA-Makromolekül als Speichereinheit stecken. Mit diesem Gedanken im Gepäck besuchte ich das „Museum of Science and Industry“ in Manchester (GB), wo ein Nachbau des ersten Computers mit RAM steht. Gleichzeitig las ich ein Buch über einen Revolutionär der Computerwissenschaften im 19. Jahrhundert, Charles Babbage, der das erste Konzept für automatische, programmierbare Rechenmaschinen erstellt hatte, lange bevor an Relais über-

haupt gedacht wurde. Diese beiden großen Schritte in der Entwicklung der Computer wie wir sie kennen, brachten mich dazu, näher über die Fragestellung nachzudenken, ob sich DNA als Speichermedium einsetzen ließe.

Das Ziel dieser Arbeit ist es, ein Konzept für ein DNA-Speichermedium herzustellen. Dabei werden modernste Technologien berücksichtigt und im Anschluss die Realisierungsmöglichkeiten erwogen. Es geht nicht darum, eine funktionstüchtige „Festplatte“ zu entwickeln, sondern zu beschreiben, wie es technisch möglich wäre, einen DNA-basierten Speicher zu erstellen. Diese Einschränkung begründet sich auf dem heutigen Stand der Technik, denn auch, wenn es möglich ist, z.B. DNA optisch zu sequenzieren, so sind Datenrate wie auch Aufwand noch zu groß, um en masse eingesetzt zu werden. Deshalb ist es wichtig, bei dem Wort „Festplatte“ nicht an eine Einheit zu denken, wie wir sie heute verwenden. Dieser Schritt wird Zeit brauchen, hier handelt es sich also um eine „Proof of Concept“-Arbeit.

Zunächst werden die biologisch-technischen Hintergründe erläutert, die im Entwurf Anwendung finden, daran schließt sich der Konzeptentwurf mit spezifischer Beschreibung aller Funktionsprinzipien und Techniken an. Zuletzt wird der Entwurf einer Leistungsanalyse unterzogen und auf Stichhaltigkeit überprüft. Hierzu werden verschiedene Parameter aus dem Konzept dazu verwendet, mathematisch Kapazität und Geschwindigkeit des Systems nach heutigem Stand der Technik zu bewerten, um so zu einer fundierten Antwort zu der Frage der Sinnhaftigkeit zu kommen.

2 **BIOLOGISCHER HINTERGRUND**

Als Grundlage für die erfolgreiche Umsetzung eines DNA Speichers wird Wissen der folgenden Teilgebiete benötigt:

1. Gentechnologie

Synthetisieren von DNA

Herstellung synthetischer Proteine

DNA Sequenzierung

2. Molekularbiologie

DNA Aufbau und Eigenschaften

Eigenschaften von Nucleotiden

2.1 SYNTHETISIEREN VON DNA

DNA kann heute als fertiges Produkt für durchschnittlich 0,50€ je Basen-paar im Internet bestellt werden. Grundlage hierfür ist die Möglichkeit, DNA chemisch mit definierter Sequenz herzustellen. Diese Fähigkeit ist unabdingbar, denn sie ist die Grundoperation für das Schreiben von Information in DNA. Problematisch ist bei dem Vorgang die Kostenintensität und Zeit, die benötigt wird, um selbst kurze DNA-Stränge zu synthetisieren. Da sämtliche aktuellen Verfahren auf chemischen Prozessen beruhen, welche nur in Laborumgebungen durchführbar sind und nicht gut in einem Speichermedium zu automatisieren sind, stellt die DNA Synthese einen schwierigen Punkt bei der Realisierung einer Festplatte dar.

2.2 HERSTELLUNG SYNTHETISCHER PROTEINE

Insulin ist ein Beispiel für ein gentechnisch hergestelltes Protein. Allerdings ist hierbei die Sequenz des Insulin-Gens bekannt. Auf ähnlichem Wege ist es jedoch praktisch möglich, ein auf den Bedarf angepasstes DNA-Stück in einer Zelle zu exprimieren. Das resultierende Protein ist abhängig von der eingeschleusten Basensequenz. Die Herstellung solcher künstlicher Proteine wird für einige Reparatur- und Formatierungsprozesse im Speichermedium nötig sein.

2.3 DNA SEQUENZIERUNG

Um die Basensequenz von DNA festzustellen, wurden verschiedenste Methoden entwickelt, welche größtenteils auf chemischen Reaktionen basieren. Diese sind alle umständlich und erfordern viel Zeit, um nur kleine Stücke von DNA zu sequenzieren. Moderne Methoden benutzen fluoreszierende Farbstoffe, um die verschiedenen Basen zu markieren. Danach wird die DNA von einem Laser bestrahlt. Die aufgenommene Energie wird anschließend in Form von Licht

wieder emittiert. Die Wellenlänge des emittierten Lichtes wird gemessen und anhand der unterschiedlichen Amplituden kann man auf die Basensequenz zurück schließen.

2.4 DNA-STRUKTUR UND EIGENSCHAFTEN

Die spezifischen Eigenschaften des DNA-Moleküls sind die Basis für die Möglichkeit, in DNA Daten zu speichern. Die hohe Stabilität, sowie die Fähigkeit alternative Basenpaare aufzunehmen, sind wichtig für die Funktion des Speichermediums.

2.5 EIGENSCHAFTEN VON NUCLEOTIDEN

Die Nucleotide sind auf Grund einiger Eigenschaften gut als kleinste Speichereinheit geeignet. Zunächst ist es heute relativ einfach, die Basen in einem Strang zu identifizieren. Jede Base reflektiert Licht ein wenig anders und diese Messwertdifferenzen ermöglichen die Differenzierung. Basen können individuell per radioaktiver Bestandteile markiert werden. So könnte man Polonium nutzen, um Sauerstoffatome zu ersetzen und somit eine ausgewählte Base markieren. Zusätzlich zur radioaktiven Markierung ist es auch möglich, wie es bei viraler DNA manchmal der Fall ist, Nucleotide vor dem Abbau durch Schutzgruppen zu schützen. Solche können z.B. Methyl-, Benzoyl- oder Isobutyrylgruppen sein [Brod1].

3 TECHNISCHER HINTERGRUND

3.1 FUNKTIONSWEISE MODERNER FESTPLATTEN

Um ein DNA-basiertes Speichermedium erfolgreich in die heutige Computerinfrastruktur einzubinden ist es nötig, einen READ-, WRITE- und SCAN-Prozess verfügbar zu machen. Auf Basis dieser drei Grundanweisungen lassen sich dann sämtliche vom Dateisystem bereitgestellte Funktionen umsetzen (z.B. Kopieren, Suchen, Ordnerhierarchien).

- READ: schreibt Daten auf die Platte
- WRITE: liest Daten von der Platte

- SCAN: sucht nach gefragten Daten auf der Platte

3.2 DATENVERARBEITUNG

Nachdem die physischen Bits ausgelesen wurden, wird dieser Strom an Information verarbeitet. Eventuelle Codierungen müssen entfernt werden und die Daten müssen in das vom Controller geforderte Format gebracht werden. Anschließend können die Daten über den Datenbus ausgegeben werden.

4 KONZEPTENTWURF

Folgend ist der Aufbau (auch Geometrie genannt) sowie die Funktion der Einheit beschrieben.

4.1 GEOMETRIE

4.1.1 PLATTEN

Das Medium wird, wie auch in heutigen Festplatten, die Information auf runden Platten¹, im weiteren „Platters“ genannt, speichern. Ausgelesen werden die Daten per Lesearmen, die in Form und Größe durchaus den heutigen ähneln können. Als Material empfiehlt sich Silizium, da es auch heute schon als Träger für DNA-Microarrays dient [Wiki1]. Die für solche Chips verwendete Technologie könnte zu diesem Zweck weitgehend übernommen werden. Alternativ könnte man z.B. durch Haken auf Molekülebene die DNA „einhängen“ und somit fixieren. Hierbei ist jedoch zu beachten, dass die Haltevorrichtung das Lesen der DNA nicht behindern darf.

Zusätzlich sollte die DNA in einer Lösung vorliegen. Dazu empfiehlt sich z.B. Polyacrylamid, welches in der Gelelektrophorese genutzt wird. Polyacrylamid kann nach Bedarf in der Viskosität verändert werden und ist somit gut geeignet, um ein stabile Umgebung für DNA-Stränge zu bilden.

Wie es heute üblich ist, können mehrere Platters zu einem „Stack“ gesta-

¹ Zu Rechenzwecken: 3,5 Zoll Durchmesser

pelt werden, um die Speicherkapazität zu erhöhen. Wenn man fünf bis acht Platters stapeln könnte, würde die Speicherkapazität um den entsprechenden Faktor ansteigen.

4.1.2 LESE/SCHREIBVORRICHTUNG

Die nötigen Messgeräte zur Umsetzung von READ, WRITE und SCAN werden wie bei heutigen Festplatten an Metallarmen angebracht, die drehbar um die Platten herum gelagert sind und nach Bedarf jeden Track der Festplatte erreichen können. Die Konstruktion kann sich generell an den heute üblichen Armen ausrichten, allerdings muss berücksichtigt werden, dass eine doppeltes Glasfaserkabel entlang dieses Armes verlegt werden muss.

4.1.3 DIE DNA-STRUKTUR

Um die Basensequenz zeitnah und schnell auszulesen, werden heute bereits oben beschriebene optische Systeme zur Erfassung von fluoreszent markierter DNA verwendet. Eine ähnliche Technik sollte auch in der Festplatte verwandt werden. Hierzu könnte man Xiaos Ansatz zur Laser basierten optischen Sequenzierung in Kombination mit den alternativen, fluoreszenten Basen, die von Wilson und Kool beschrieben werden, nutzen [Xiao1][Wilson1]. Die beschriebenen Oligodesoxyfluoroside (ODFs im Folgenden) bestehen aus dem charakteristischen, alternierenden Phosphat-Ribose-Rückgrat, an welches „alternative Nucleobasen“ [Wilson1], an gehangen sind. Diese Basen weisen im Unterschied zu den vier natürlich auftretenden Basen alle eine fluoreszente Gruppe auf. Mit Hilfe dieser Basensubstituenten erreicht man, dass über die Wellenlänge des von den Fluorosiden emittierten Lichtes auf die Basensequenz zurück geschlossen werden kann. Weitere Vorteile bei der Verwendung von Basensubstituenten im Gegensatz zu herkömmlichen fluoreszenten Markern wie Höchst 1 sind die Tatsache, dass fluoreszente Basen relativ simpel mit herkömmlichen DNA-Syntheseverfahren zu ODFs verbunden werden können sowie der Fakt, dass sie die Molekülstruktur der DNA nicht verändern [Wilson1].

4.1.4 GEHÄUSE

Um Nucleotide sowie Ligasen und andere nötigen Enzyme zur Verfügung zu stellen, ist es ratsam, den kompletten Prozess in einem fluid-gefüllten Gehäuse ablaufen zu lassen. Ob es sich hierbei auch um dünnflüssiges Polyacrylamid handeln muss ist schwer zu sagen, es muss jedoch sicher gestellt sein, dass die Enzyme und gelösten Nucleotide nicht angegriffen werden.

4.2 FUNKTION

Die Funktion des Speichermediums wird anhand der oben beschriebenen drei Prozesse READ, WRITE und SCAN beschrieben, da nur diese auf der Ebene der Technik zu implementieren sind, jede weitere elementare Funktionalität kann per Software nachträglich zugefügt werden und ist unabhängig von der Basisfunktionalität der Einheit.

4.2.1 READ

Das Lesen der Basen kann ähnlich der heutigen optischen Sequenzierung von DNA gestaltet werden. Die oben erwähnten ODFs werden durch an den Lese-armen montierte Laser zum Leuchten gebracht werden. Um das emittierte Licht analysieren zu können, kann man es mit Hilfe einer präzisen Linsenkonstruktion aufnehmen und per Glasfaserstrang zum Messchip leiten, welcher dann die Wellenlänge bestimmt und elektronisch weiter gibt. Da das emittierte Licht einer Base eine determinierte Wellenlänge hat, ist es möglich über die von der Messtechnik aufgenommenen Daten auf die „ausgelesene“ Base zu schließen.

Das emittierte Licht würde also, wenn man ein längeres Stück DNA ausliest, von der Messelektronik zu einem elektrischen Signal in Form einer analogen Welle gewandelt. Dieses Signal muss folglich von einem Analog/Digital-Wandler konvertiert werden, um ein computergeeignetes Signal zu erhalten. Hierbei wird nun per Betriebssoftware einem bestimmten Spannungsbereich ein digitaler Wert zugeordnet. Für eine symbolisch mit A bezeichnete Base könnte also der analoge Wert 12mV stehen, welcher dann digital als 01 ausgedrückt werden

könnte. Die Zuordnung der digitalen Werte zu den Basen ist willkürlich, da sie in der Software implementiert wird.

Das Resultat dieser Kette von Signalaufnahme, Weiterleitung und Konvertierung ist ein digitales, also für die normalen Computer verständliches Signal, das nun verarbeitet werden kann.

4.2.2 SCAN

Mit Hilfe des SCAN-Prozesses soll das schnelle Finden des Speicherortes von Informationen auf dem Datenträger ermöglicht werden. Es geht hierbei nicht darum, die Daten effektiv auszulesen, sondern lediglich den physischen Ort zu bestimmen wo diese gespeichert sind, um dann ein präzises Auslesen einzuleiten.

Da der SCAN-Vorgang in kurzer Zeit eine große Datenmenge auf Inhalt durchsuchen muss, ist es wenig sinnvoll das Funktionsprinzip des READs auch hierfür anzuwenden. READ ist spezifisch dafür ausgelegt, detailliert Daten zu lesen, jedoch nicht darauf, dies in einer besonderen Geschwindigkeit und raumgreifend zu tun.

Bei einer Suchanfrage ist ein Teil des gesuchten Datensatzes bekannt (Name, Datum, Inhalt o.ä.). Basierend auf dieser Information kann man rück schließen, welche Basensequenz physisch im Medium vorhanden sein muss, welche wiederum ein spezifisches Bild liefern sollte, wenn man sie lesen würde. Diese Basensequenz die aus der Suchanfrage ermittelt werden konnte, kann man nun „heraus zoomen“, also errechnen, wie eine grobe Aufnahme dieser Sequenz aussehen müsste, bezüglich auf die Anteile der verschiedenen Wellenlängen des emittierten Lichtes. Dieses grobe Abbild des gesuchten Datensatzes lässt sich dann als Vorlage in den Suchprozess übernehmen.

Eine Möglichkeit SCAN zu realisieren ist ein zweites optisches System am Lesekopf. Dieses sollte dann über eine weniger stark vergrößernden Linse größere Stücke des DNA-Strangs auf einmal registrieren und weiterleiten, um die Anteile der verschiedenen Wellenlängen messen zu lassen. Dieses Messergebnis

wird dann konstant mit der Vorlage verglichen. Wenn eine Übereinstimmung zwischen Vorlage und Messwert auftritt, wird dieser Ort auf dem Medium zur späteren Bearbeitung abgespeichert. Wichtig ist, dass während des ganzen Prozesses keine Daten effektiv ausgelesen werden, es wird lediglich anhand der Vorlage die Position der Daten auf dem Medium bestimmt und zurückgegeben.

4.2.3 WRITE

Der für die Funktionalität elementarste Prozess ist WRITE, also die Fähigkeit, Daten auf dem Medium zu speichern. DNA-Biosynthese geschieht per DNAPolymerase, wobei die Sequenz des neu synthetisierten Stranges vom Matrizenstrang abhängt. Dieses Konzept kann man sich zu Nutze machen, um ein willkürliches Stück DNA zu synthetisieren.

Zusätzlich zu den zwei Leseeinrichtungen am Kopf muss eine Schreibeinrichtung hinzugefügt werden, welche aus zwei zentralen Funktionseinheiten besteht:

1. DNAPolymerase
2. Matrizenschalter

Die DNAPolymerase wird nanotechnisch am Lesearm befestigt. Das aktive Zentrum, welches im Normalfall den Matrizenstrang aufnimmt, wird so positioniert, dass der Matrizenschalter daran binden kann. Dieser Schalter ist ein nanotechnologisches Bauteil, auf dem je eine der vier Basen befestigt sind. Dieses Bauteil ist so montiert, dass es mit Piezomotoren so gesteuert werden kann, dass eine spezifische Base an der DNAPolymerase bindet. Dadurch ist es möglich, die Matrix für die Synthese der neuen DNA auf dem Platter zu steuern und somit eine korrekte, der Dateneingabe entsprechende DNA zu erzeugen.

Funktionsbeispiel:

Um einen Strang mit der Sequenz „AC“ zu erzeugen, müssten folgende Schritte ablaufen:

1. Lesekopf ist über dem zu beschreibenden Ort auf dem Platter
2. der Matrizenschalter stellt die Thymin-Base der DNAPolymerase zur Verfügung
3. die Polymerase knüpft das komplementäres Nucleotid (Adenin-Base) an den Strang an
4. der Matrizenschalter stellt die Guanin-Base der DNAPolymerase zur Verfügung
5. die Polymerase knüpft das komplementäres Nucleotid (Cytosin-Base) an

5 LEISTUNGSANALYSE

Der Aufwand zur Realisierung eines solchen Produktes nach dem heutigen Stand der Technik ist so hoch, dass zweifelsohne die Frage nach der Sinnhaftigkeit zweifelsohne zu stellen ist.

Die Überprüfung der Leistungsfähigkeit soll an der theoretischen Bestimmung der Speicherkapazität sowie der rechnerischen R/W-Geschwindigkeit ausgerichtet sein, da das Potential der Technologie in Kapazität und Effizienz gesehen wird.

5.1 SPEICHERKAPAZITÄT

Zur Bestimmung der Speicherkapazität muss die durchschnittliche Größe der kleinsten Speichereinheit, des Nucleotides, bekannt sein. Ausgegangen werden kann von einem Durchmesser der DNA von 2nm (2×10^{-9} m)[Genetik1]. Ein Basenpaar wird mit 0,35nm Länge angegeben [Wiki2]. Daraus kann man schließen, dass ein Nucleotid ca. 0,15nm groß ist. Um Interferenzen zwischen den einzelnen konzentrischen Tracks und den darauf gelagerten DNA-Strängen zu verhindern, sollten diese mit Abstand zueinander aufgetragen werden. Zur Vereinfachung der Rechnung wird für diesen Abstand 1nm angenommen. Pro Nucleotid werden also $0,1725 \times 10^{-18} \text{nm}^2$ Fläche benötigt. Es gilt also für die Speicherkapazität ausgehend von der Größe eines Platters:

2 $0,15 \times 10^{-9} \times 1,15 \times 10^{-9} = 0,1725 \times 10^{-18} = D_{\text{nucl}}$

$$\begin{aligned}
 A_v &= A_{ges} - A_{loch} \\
 A_v &= (r_{ges}^2 \pi) - (r_{loch}^2 \pi) \\
 N_{nucl} &= A_v / (D_{nucl}) \\
 N_{nucl} &= 3,552827133 \times 10^{16} \\
 N_{byte} &= N_{nucl} \times 2/8 = 8,882067832 \times 10^{15} \approx 9 \text{ PB}
 \end{aligned}$$

Rechnerisch wird eine Platte von 3,5 Zoll Durchmesser bei einem Trackspacing von 1nm und einer angenommenen Nucleotidgröße von 0,15nm eine Speicherkapazität von umgerechnet 9 PB haben. Dies entspricht dem 9000 fachen des durchschnittlichen Speichers, der in einer elektronischen Festplatte zur Verfügung stehen.

5.2 LESEGESCHWINDIGKEIT

Da ein Nucleotid vier Zustände, bzw. Basen annehmen kann, bietet es die um den Faktor zwei höhere Speicherkapazität als Bits. Daraus resultiert im Umkehrschluss, dass bei dem Auslesen eines Nucleotides das Doppelte an Information gelesen wird. Um also eine Datenrate die SATA 300 entspricht³ zu erreichen, müsste man eine effektive Lesegeschwindigkeit von $1,5 \times 10^8$ Nucleotiden erzielen. Aus der angestrebten Lesegeschwindigkeit kann wie folgt die erforderliche Rotationsgeschwindigkeit ermittelt werden:

$$\begin{aligned}
 U_{max} &= 0,0889 \pi = 0,279287587 \text{ m} \\
 \frac{U_{max}}{0,15 \times 10^{-9}} &= N_{nucl} = 1,861917246 \times 10^9 \\
 360 / \frac{N_{nucl}}{1,5 \times 10^8 \text{ bp/s}} &\approx 290 \text{ }^\circ/\text{s} \\
 (290 \text{ }^\circ/\text{s}) \times 60\text{s} / 360 \text{ }^\circ &\approx 48,3 \text{ rpm}
 \end{aligned}$$

Eine Rotationsgeschwindigkeit von 48,3 rpm ist einfach zu erreichen, da sie nur einen Bruchteil dessen beträgt, was heutige Festplatten erreichen müssen. Außerdem tritt so keine zu hohe Zentripetalkraft auf, die sonst die DNA von den Platters reißen könnte.

3 300 Mbit/s = 3×10^8 bits/s

6 ABSCHLUSSBEWERTUNG

Das Konzept, wie oben beschrieben, ist rein rechnerisch fähig die Leistung heutiger Speichermedien was Kapazität und Geschwindigkeit angeht um ein Vielfaches zu übertreffen. Theoretisch ist eine „DNA-Festplatte“ also ideal dazu geeignet große Datenmengen effizient zu speichern. Jedoch sind z.Z. vor seiner Realisierung noch größere Probleme technischer Art (wie z.B. Muteinherstellung, nanotechnische DNA-Verarbeitung usw.) zu lösen.

6.1 GRUNDLAGENFORSCHUNG

Es ist davon aus zu gehen, dass es weitere tiefgründigere Probleme bei der Realisierung geben wird, als bei diesem Entwurf berücksichtigt werden konnten. Selbst wenn dies nicht der Fall sein sollte, so sind trotzdem Laborzeiten von mehreren Jahren absehbar, da keiner der drei Prozesse (READ, WRITE, SCAN) heutzutage in der gefragten Dimension schon zur Verfügung steht. Um diese Vorgänge zu realisieren, ist immer noch viel Grundlagenforschung nötig. Bei READ und SCAN besteht die technische Möglichkeit theoretisch in größerem Maßstab, allerdings müsste auch hier die Technologie auf die Bedürfnisse des Speichermediums angepasst werden.

6.2 INVESTITIONSHÖHE

Ein weiterer Aspekt ist das hohe notwendige Investitionsvolumen. Bedingt durch das Maß an notwendiger Grundlagenforschung werden vermutlich große Mengen Kapital nötig sein, um eine Realisierung des Entwurfes zu erreichen. Dieses Kapital müsste von einer im Sektor tätigen Firma oder von unabhängigen Forschungsinstituten kommen, da es nicht privat zu realisieren ist.

6.3 BEWERTUNG

Basierend auf den oben aufgeführten Argumenten scheint es möglich, eine Computerspeichereinheit auf DNA Basis herzustellen, allerdings kommt dies einem Projekt vom Umfang des Human Genome Projektes gleich. Die Fortschritte

im Bereich der Enzymatik, Chemie und Nanotechnologie die gemacht werden müssen sind so umfangreich, dass es nicht einfach sein wird, die fachspezifischen Kompetenzen zusammen zu tragen:

- Muteine, z.B. DNAPolymerase sowie Ligase müssen erstellt werden
- ODF-Lasersequenzierung muss perfektioniert und verkleinert werden
- nanotechnische Verfahren müssen es ermöglichen den „Basenschalter“ herzustellen
- DNA muss nanotechnisch mit Präzision zu verarbeiten sein

Wenn diese Hauptprobleme überwunden sind, erscheint es aus heutiger Sicht durchaus realistisch ein auf DNA basierendes Speichermedium für Applikationen im Server – und Hochleistungscomputerbereich zu erstellen.

B QUELLENVERZEICHNIS

Brod1: Tobias Brodmann, Peptid- und DNA-Synthese, 2005, http://www.oci.uni-hannover.de/AK_Kalesse/OCF-vortraege05SS/30.05.05_DNAsynthese.pdf,

Aufgerufen am: 10.3.2009

Wiki1: , DNA microarray, 2009, http://en.wikipedia.org/wiki/DNA_microarray,

Aufgerufen am: 05.03.2005

Xiao1: Xiao, Phong, Ha, Chan, Cai, Leung, Wan, Kistler, DeRisi, Selvin and Kwok, Rapid DNA mapping by fluorescent single molecule detection, 2006,

<http://nar.oxfordjournals.org/cgi/screenpdf/35/3/e16.pdf>, Aufgerufen am:

22.02.2009

Wilson1: James N. Wilson & Eric T. Kool, Fluorescent DNA base replacements: reporters and sensors for biological systems, 2006, http://www.rsc.org/delivery/_ArticleLinking/DisplayArticleForFree.cfm?doi=b612284c&JournalCode=OB,

Aufgerufen am: 28.02.09

Aufgerufen am: 28.02.09

Genetik1: Baron et altera, Grüne Reihe Genetik, Schroedel, Berlin 2007

Wiki2: , DNA, 2009, <http://en.wikipedia.org/wiki/DNA>, Aufgerufen am:

05.03.2009

C RECHTLICHE BESTIMMUNGEN

Dieses Dokument ist veröffentlicht unter der Creative Commons Lizenz entsprechend den gegebenen Lizenzbedingungen unter:

<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/2.0/de/>