

Обзорная статья

УДК 004.6 + 577.21

<https://doi.org/10.31854/1813-324X-2026-12-4-9-24>

EDN:NBKZOM



Биомолекулярное хранение данных: принципы, математические модели и особенности применения

✉ Леонид Сергеевич Адонин, adonin.ls@sut.ru✉ Олеся Владимировна Волчик, volchik.ov@sut.ru

Санкт-Петербургский государственный университет телекоммуникаций им. проф. М.А. Бонч-Бруевича,
Санкт-Петербург, 193232, Российская Федерация

Аннотация

Актуальность. Информационная эпоха порождает огромные объемы данных, создающие серьезные проблемы для традиционных методов хранения и носителей информации. Темпы роста плотности хранения на них замедляются, а срок службы не увеличивается. Затраты, связанные с традиционным хранением данных, и расходы на их обновление растут. Это делает актуальным поиск альтернативных технологий хранения данных. В последние годы горячей точкой исследований стало использование в качестве носителя информации молекулы ДНК – распространенного в природе биополимера с высокой плотностью и надежностью. В отличие от традиционных носителей, ДНК практически не требует энергии на поддержание и сохраняется в контролируемых условиях на протяжении тысяч лет. Эти характеристики указывают на потенциал ДНК как надежного, стабильного и недорогого решения для хранения данных.

Целью исследования является обобщение и анализ знаний о возможностях и вызовах, связанных с внедрением биомолекулярных технологий в информационную инфраструктуру будущего. Особое внимание уделено методам кодирования, синтеза, хранения, считывания и преобразования данных в ДНК, а также математическим моделям ДНК-архивирования. Задача исследования состоит в выявлении преимуществ и ограничений рассматриваемых технологий в условиях высоких темпов роста объемов цифровых данных.

Научной новизной работы является авторская систематизация и анализ методов, а также математических моделей ДНК-архивирования, соответствующих каждому из этапов процесса организации хранения данных в ДНК, на основании обзора современных научных исследований по рассматриваемой тематике.

Теоретическая значимость состоит в обобщении научного и практического опыта по применению методов и моделей биомолекулярного хранения цифровых данных. Полученные результаты расширяют возможности для понимания особенностей ДНК-архивирования, а также способствуют разработке новейших подходов, интегрирующих возможности молекулярной биологии, биоинформатики, нанотехнологий и информационных систем для эффективного решения задач в области управления данными.

Ключевые слова: хранилище данных ДНК, емкость данных, кодирование данных, синтетическая биология

Финансирование: Исследование выполнено при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации, соглашение № 075-15-2026-363, «Бортовая биологическая лаборатория студенческого малого научно-образовательного космического аппарата Биосенсор-1».

Ссылка для цитирования: Адонин Л.С., Волчик О.В. Биомолекулярное хранение данных: принципы, математические модели и особенности применения // Труды учебных заведений связи. 2026. Т. 12. № 4. С. 9–24. DOI:10.31854/1813-324X-2026-12-4-9-24. EDN:NBKZOM

Review research

<https://doi.org/10.31854/1813-324X-2026-12-4-9-24>

EDN:NBKZOM

Biomolecular Data Storage: Principles, Mathematical Models and Application Features

 Leonid S. Adonin , adonin.ls@sut.ru Olesia V. Volchik, volchik.ov@sut.ru

The Bonch-Bruевич Saint Petersburg State University of Telecommunications,
St. Petersburg, 193232, Russian Federation

Annotation

Relevance. The information age is generating huge amounts of data, creating serious problems for traditional storage methods and media such as hard drives, solid-state drives and cloud storage. Storage densities on such media are slowing down and their service life is not significantly increased. The capital costs associated with traditional data storage and maintenance costs for updating them are increasing.

This makes it urgent to search for alternative options of large data storage technologies. In recent years, the hot spot for global research has been the use of DNA molecules as information carriers.

DNA is a biopolymer with high density, reliability and widespread in nature. Compared to traditional media, DNA storage requires little energy to maintain and can be maintained at room temperature and under controlled conditions for thousands of years.

Given sufficient improvement in DNA recording and scanning techniques, these characteristics point to the potential of DNA as a reliable and inexpensive solution for data storage that does not require periodic technological change.

The aim of this study is to systematize and analyze knowledge about opportunities and challenges associated with the implementation of biomolecular technologies in the information infrastructure of the future. Special attention is given to methods of coding, synthesis, storage, reading and converting data into DNA, as well as mathematical models of DNA archiving. The main objective of the study is to identify the advantages and limitations of the technologies under consideration in the context of high growth rates of digital data volumes.

The scientific novelty of work is the authors' systematization and analysis of methods and mathematical models of DNA archiving, corresponding to each of the stages of the process of organization of data storage in DNA, based on a review of modern scientific studies on the subject under consideration.

The theoretical significance of the study consists in the synthesis of scientific and practical experience on the application of methods and models of biomolecular storage of digital data. The results broaden the scope for understanding the advantages and limitations of DNA archiving, as well as contributing to the development of advanced combined approaches that integrate the capabilities of molecular biology, bioinformatics, nanotechnologies and information systems, to overcome existing limitations and effectively address data management challenges.

Keywords: DNA data storage, data capacity, data encoding, synthetic biology

Funding: This research was supported by the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation (Agreement No. 075-15-2026-363) "Onboard Biological Laboratory of the Small Student Scientific and Educational Spacecraft Biosensor-1".

For citation: Adonin L.S., Volchik O.V. Biomolecular Data Storage: Principles, Mathematical Models and Application Features. *Proceedings of Telecommunication Universities*. 2026;12(4):9–24. (in Russ.) DOI:10.31854/1813-324X-2026-12-4-9-24. EDN:NBKZOM

Введение

Объемы генерируемой и накапливаемой информации во всех сферах человеческой деятельности стремительно возрастают, формируя так

называемую «эпоху данных». Согласно информации на цифровой платформе Statista, объем данных, создаваемых, передаваемых и потребляемых в мире, вырос более чем в 5 раз с 2018 по 2025 г., а

по сравнению с 2010 г. – в 66 раз¹. В 2024 г. глобальное производство данных достигло 149 зеттабайт, а к 2028-му прирост объема создаваемых данных составит около 22 %. Особую значимость приобретает тот факт, что основная доля данных генерируется не частными пользователями, а предприятиями: как отмечается в докладе IDC «Эпоха данных – 2025», где прогнозировалось, что к 2025 г. более 60 % мировых данных будет создаваться бизнес-структурами². В этих условиях объем накопленной цифровой информации продолжает экспоненциально увеличиваться, и к середине XXI в. он может превысить 3 йоттабайта [1]. Такой стремительный рост информационных потоков обостряет проблему эффективного хранения данных, поскольку традиционные технологии информационного архивирования, такие как жесткие диски (HDD) и твердотельные накопители (SSD), сталкиваются с рядом фундаментальных ограничений. HDD характеризуются относительно низкой скоростью доступа, уязвимостью к механическим повреждениям и ограниченным сроком службы, в то время как SSD, несмотря на более высокую производительность и устойчивость к вибрациям, имеют ограниченное количество циклов записи, подвержены эффекту износа ячеек памяти и сталкиваются с проблемами, связанными с управлением мусором (garbage collection) и пропускной способностью интерфейсов, даже при использовании современных решений на базе PCIe [2, 3]. Кроме того, высокая стоимость и энергозатратность при масштабировании делают эти технологии недостаточно эффективными для долгосрочного хранения экза- и зеттабайтных массивов.

В связи с вышеизложенным возникает необходимость в разработке принципиально новых подходов к хранению информации, способных обеспечить высокую плотность, энергоэффективность, долговечность и устойчивость к внешним воздействиям. В качестве перспективных альтернатив рассматриваются энергонезависимые технологии памяти нового поколения (NVM), а также биомолекулярные методы хранения, в частности – использование дезоксирибонуклеиновой кислоты (ДНК) в качестве носителя цифровой информации. ДНК представляет собой уникальную среду хранения, обладающую теоретической плотностью до 1 эксабайта на кубический миллиметр (что эквивалентно 10^{19} бит/см³), а также потенциальным сроком сохранности информации в тысячах лет

при соответствующих условиях [4]. Несмотря на то, что текущие технологии синтеза и секвенирования пока позволяют работать лишь с объемами порядка сотен гигабайт, активные исследования направлены на преодоление этих ограничений [4, 5]. Однако реализация полного потенциала ДНК-хранилищ требует решения ряда научно-технических задач, включая разработку эффективных алгоритмов кодирования данных, минимизацию ошибок при записи и чтении, а также значительное снижение стоимости синтеза и секвенирования нуклеотидных последовательностей [5]. В этой связи активно ведутся поиски инновационных решений как со стороны научного сообщества, так и со стороны крупных технологических корпораций, стремящихся к созданию экологически устойчивых и масштабируемых систем хранения³.

Настоящая обзорная статья посвящена анализу современного состояния и перспектив технологии хранения цифровой информации на основе ДНК. В работе представлены ключевые аспекты функционирования существующих систем хранения, проведена сравнительная оценка их характеристик, рассмотрены технические принципы и математические модели хранения данных в ДНК, а также детально анализируются преимущества и ограничения ДНК, как потенциального носителя данных. Целью исследования является систематизация знаний о возможностях и вызовах, связанных с внедрением биомолекулярных технологий в информационную инфраструктуру будущего.

Классификация методов / носителей хранения данных

Современные технологии хранения данных прошли длительный путь эволюции, начиная от простых физических носителей и заканчивая сложными молекулярными и квантовыми системами (рисунок 1). Одними из первых массовых решений для архивирования и распространения информации стали оптические диски – CD, DVD и Blu-ray, которые с момента своего появления в 1980-х гг. обеспечили удобный, относительно недорогой и стабильный способ хранения. Однако их информационная емкость ограничена фундаментальными физическими законами, в частности дифракционным пределом, зависящим от длины волны используемого лазера. Так, CD с длиной волны 780 нм имеют емкость порядка 700 МБ, DVD (650 нм) – до 8,5 ГБ благодаря многослойной записи, а Blu-ray (405 нм) способны хранить до 50 ГБ и более [6].

¹ Volume of data/information created, captured, copied, and consumed worldwide from 2010 to 2020, with forecasts from 2021 to 2025 // www.statista.com. URL: <https://www.statista.com/statistics/871513/world-wide-data-created> (дата обращения 01.02.26)

² Будущее Big Data: к 2025 году 60 % мировых данных будет создавать бизнес // Forbes. URL: <https://www.forbes.ru/tehnologii/341869-budushchee-big-data-k-2025-godu-60-mirovyh-dannyh-budet-sozdavat-biznes> (дата обращения: 01.02.2026)

³ ДНК, стекло, керамика: новейшие технологии хранения данных // РБК. 2024. URL: <https://trends.rbc.ru/trends/industry/65a7835a9a794741280c730b?from=copy> (дата обращения 01.02.2026)

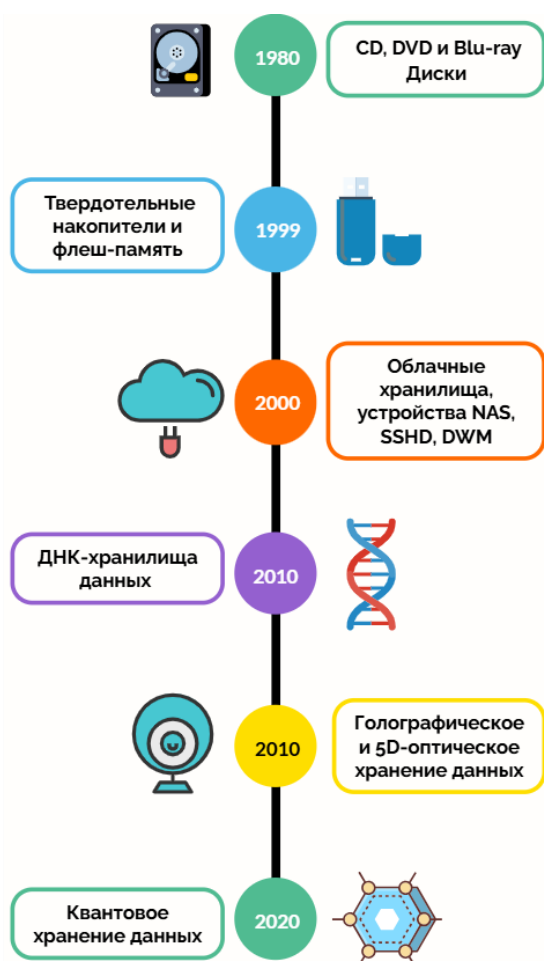


Рис. 1. Временная шкала применения способов хранения данных

Fig. 1. Timeline of Data Storage Methods Application

Несмотря на применение мультимодальных методов записи, таких как модуляция поляризации и интенсивности, оптические диски остаются в основном офлайн-носителями с низкой скоростью доступа и отсутствием возможности оперативного редактирования, что ограничивает их применение в динамичных средах [6]. Для преодоления этих ограничений разрабатываются более передовые оптические технологии, такие как голографическое и 5D-оптическое хранение. Голографическая запись основана на интерференции световых волн, что позволяет размещать информацию в трехмерном объеме фоточувствительного материала и одновременно считывать большие массивы данных за счет мультиплексирования по углу, длине волны и поляризации [7]. Еще более перспективной является 5D-технология, в которой с помощью фемтосекундных лазеров в материалах, таких как фьюзорированное стекло, формируются наногратинги, кодирующие информацию по трем пространственным координатам, а также – по поляризации и интенсивности света. Это обеспечивает потенциальную емкость в сотни терабайт на один носитель и теоретический срок хранения до сотен

тысяч лет. Тем не менее, высокая сложность оборудования, низкая скорость записи и трудности в масштабировании остаются серьезными барьерами на пути коммерциализации [6, 7]. В современных вычислительных системах доминируют твердотельные накопители (SSD) и флеш-память на базе технологии NAND, которые обеспечивают высокую скорость доступа, отсутствие движущихся частей и низкое энергопотребление.

Хранение данных осуществляется посредством способности ячеек памяти удерживать электрический заряд. Проблемным моментом является ограничение по числу повторов записи и удаления информации. Это снижает ресурс устройства и может приводить к тому, что ячейки перестают функционировать [8, 9]. Технология 3D-NAND позволила вертикально расположить ячейки, что увеличило их емкость, сохранило высокий уровень производительности и снизило стоимость хранения информации. Однако у данной технологии также имеются ограничения, связанные с необходимостью применения сложных алгоритмов исправления ошибок, а также с более высокой стоимостью хранения гигабайта по сравнению с жесткими дисками.

Перейдем к архитектурным подходам хранения данных. Прежде всего к ним относятся облачные решения, позволяющие обеспечивать удаленный доступ к данным с высоким уровнем отказоустойчивости и масштабировать их за счет их репликации в распределенных центрах обработки. Но применение данных технологий связано с высокими энергозатратами на инфраструктуру, а также требует постоянного подключения к глобальной сети [10]. Помимо облачных решений, существуют системы NAS, сильной стороной которых является возможность интеграции нескольких накопителей в локальную сеть. Эта функция находит широкое применение в корпоративной среде, предоставляя пользователям баланс между ценой, надежностью и производительностью.

Архитектуры также включают гибридные SSHD-накопители, комбинирующие использование массива HDD и кэша SSD, за счет чего снижается энергопотребление при хранении данных и оптимизируется доступ к наиболее часто применяемой информации [11].

В качестве ограничений архитектурных подходов отметим, что системы NAS и SSHD-накопители требуют значительных вложений на первоначальном этапе их использования, а облачные решения являются уязвимыми с точки зрения информационной безопасности [10]. Одной из обладающих наиболее высоким потенциалом физических технологий является Domain Wall Memory (DWM). Она связана с применением нанопроводов,

которые с помощью спиновых токов манипулируют магнитными доменами [11, 12]. DWM имеет трехмерную упаковку, не содержит механических элементов, благодаря чему является долговечной, энергоэффективной и обладает высокой плотностью записи информации. На сегодняшний день технология не внедрена в массовое производство и находится на этапе лабораторных испытаний, так как имеет сложности с нанофабрикацией, а также с управлением движением доменных стенок и их термической стабильностью.

Интерес представляет также экспериментальное направление, связанное с квантовым хранением данных. Применение квантовых частиц для кодирования информации имеет свои преимущества и недостатки. Так, за счет совместимости с квантовыми вычислениями и криптографией достигается высокий уровень защиты данных, создаются возможности для достижения сверхвысокой плотности их хранения [10, 13]. При этом технология сталкивается с необходимостью работы в экстремально низких температурных условиях, испытывает проблемы при масштабировании и декогеренции, что не позволяет применять ее на практике в массовых объемах.

Особый интерес среди инновационных подходов к хранению данных представляет технология на основе использования искусственной ДНК. Этот процесс содержит этапы кодирования, синтеза, секвенирования и декодирования цифровой информации. Для исправления ошибок, возникающих в ходе обработки данных, могут применяться следующие методы, повышающие ее надежность: физическая и логическая избыточность, коды Рида – Соломона [7, 13, 14]. Тем самым достигается плотность хранимой информации до 1 эксабайта на грамм. При определенных условиях срок хранения данных исчисляется тысячами лет [14, 15].

Следует упомянуть и о *in vivo*-технологиях, которые позволяют записывать информацию в геном живых организмов. Для этого применяется метод CRISPR-Cas, что дает возможность для ведения динамической записи и молекулярного мониторинга [14, 15]. Говоря о недостатках описываемой технологии, отметим низкую скорость записи данных и высокую стоимость синтеза [13, 16]. Таким образом, требуются дальнейшие научные исследования и технологические доработки.

Сравнительная характеристика методов хранения данных

Выбор технологии хранения данных определяется рядом факторов: плотностью записи, скоростью доступа, долговечностью, энергоэффективностью, экономической обоснованностью и экологичностью. Оптические носители (CD, DVD, Blu-ray) обладают низкой плотностью и скоростью, но характе-

ризуются высокой стабильностью и долгим сроком службы при правильном хранении, что обуславливает их применение для архивного хранения, где скорость доступа не критична [10]. Технологии голографического и 5D-оптического хранения обеспечивают повышенную плотность и долговечность, однако высокая стоимость оборудования и низкая скорость записи ограничивают их применение в динамичных системах [7]. Твердотельные накопители (SSD) и флеш-память выделяются высокой скоростью и низким энергопотреблением, что выгодно для активных задач, но ограниченный ресурс циклов перезаписи и сравнительно высокая цена затрудняют их использование в архивных системах [8, 9]. Гибридные SSHD-системы, соединяя SSD и HDD, пытаются сбалансировать скорость и емкость, однако сохраняют некоторые недостатки магнитных дисков [11]. Облачные и NAS-решения характеризуются масштабируемостью и устойчивостью благодаря распределенной архитектуре и репликации, однако сопряжены с рисками, связанными с зависимостью от сети и вопросами безопасности [10].

Среди перспективных направлений Domain Wall Memoгу демонстрирует потенциал высокой плотности и энергоэффективности за счет отсутствия подвижных частей и трехмерной компоновки, но требует решения проблем с контролем магнитных доменов [11, 12]. Квантовое хранение, находящееся на ранней стадии, обещает новые возможности в безопасности и плотности, но сталкивается с фундаментальными сложностями декогеренции и управления [10, 13]. Хранение данных на основе искусственной ДНК отличается уникальной теоретической плотностью до 1 эксабайта на грамм и длительностью хранения в тысячелетия при низком энергорасходе, несмотря на высокую стоимость синтеза и низкую скорость записи [13–15]. Молекулярное кодирование предоставляет возможности интеграции с биоинформатикой и новыми подходами к защите данных [13, 16]. В долгосрочной перспективе ДНК-хранилища могут стать ключевыми для стратегического архивирования больших объемов информации, учитывая растущие потребности в энергоэффективности и экологичности [13, 15]. С экономической точки зрения традиционные HDD и оптические носители остаются наиболее доступными по стоимости на гигабайт, но эксплуатационные расходы возрастают из-за энергозатрат и необходимости миграции данных для предотвращения деградации [10, 11]. SSD оправданы при высокой частоте доступа, но менее эффективны для редких обращений [8, 9]. Облачные модели *pay-as-you-go* обеспечивают гибкость и масштабируемость, требуя при этом тщательного управления рисками безопасности и инфраструктурной зависимостью. В будущем воз-

можно развитие гибридных систем, объединяющих SSD и NAS для оперативного доступа, оптические и голографические носители для длительного хранения, а также инновационные ДНК- и квантовые решения для сверхархивных задач с приоритетом плотности и долговечности при минимальных затратах. Такой многоуровневый подход позволяет эффективно управлять изменчивостью информационных потоков, снижать риск потерь и повышать устойчивость хранения в меняющихся технологических условиях. Экологический фактор приобретает значимость: традиционные технологии требуют постоянного энергопотребления, формируя углеродный след, в то время как инновационные методы, например основанные на ДНК, потенциально предполагают минимальное энергетическое воздействие и экологический след [10, 13, 15, 16]. Это делает их особенно актуальными в контексте глобальных целей устойчивого развития. Обзор преимуществ и недостатков рассмотренных способов хранения данных приведен в таблице 1.

ТАБЛИЦА 1. Преимущества и недостатки способов хранения данных

TABLE 1. Advantages and Disadvantages of Data Storage Methods

Способ	Преимущества	Недостатки
Оптические диски (CD, DVD, Blu-ray)	Устойчивость при перемещениях и перевозках	Чувствительность к повреждениям, что приводит к неисправности носителя
Жесткие диски (HDD)	Высокая емкость Низкая стоимость Возможность хранения информации в течение десятилетий Ремонтопригодность	Необходимость соблюдения специальных условий хранения во избежание потери данных Низкая скорость доступа
Твердотельные накопители (SSD)	Низкая стоимость, высокая скорость работы	Отсутствие возможности восстановления и изменения данных при их потере
Облачные хранилища	Доступность с любого устройства в любой момент времени Масштабируемость	Проблема с конфиденциальностью и безопасностью передачи данных
Голографическое и 5D-оптическое хранение данных	Высокая плотность и долговечность хранения, высокая скорость получения данных, низкая энергозатратность	Высокая стоимость технологий, физические ограничения
Квантовое хранение данных	Высокая скорость обработки и надежность защиты информации	Сложность интероперабельности систем, высокая стоимость и сложность технологий
ДНК-хранилища	Долгосрочность хранения данных Большая вместимость и высокая плотность хранения Стабильность и невозможность устаревания носителя Экологичность и энергоэффективность	Низкая скорость записи и чтения данных Технологическая сложность процесса Высокая стоимость технологии

Таким образом, выбор технологии хранения должен основываться на комплексной оценке требований: для активных систем предпочтительны SSD и облачные решения, для архивирования – оптические и голографические носители, а для стратегического долговременного хранения – перспективные методы на основе ДНК и, в перспективе, квантовые системы. Интеграция классических и инновационных подходов в единую гибридную архитектуру позволит обеспечить баланс между производительностью, надежностью, стоимостью и экологичностью. В заключение, эффективность систем хранения данных в XXI в. будет определяться не столько отдельными технологиями, сколько их комбинированным применением в адаптивных, масштабируемых и энергоэффективных архитектурах. Будущие исследования должны быть направлены на преодоление технологических барьеров – снижение стоимости синтеза ДНК, повышение стабильности квантовых систем, оптимизацию скорости записи и интеграцию различных подходов в универсальные платформы [10, 13–15]. Только такой междисциплинарный и системный подход обеспечит гарантированное хранение цифрового наследия, отвечающее вызовам растущего объема данных, требований к информационной безопасности и задачам экологической ответственности [7, 8, 10].

Экономический анализ стоимости синтеза и секвенирования ДНК

Анализ актуальных рыночных данных за период с 2024 по 2025 гг. свидетельствует о продолжающейся тенденции снижения стоимости технологий ДНК-хранения данных. Глобальный рынок синтеза ДНК оценивался в 4,98 млрд долларов США в 2024 г. и, по прогнозам, к 2034 г. достигнет 30,32 млрд долларов⁴. Стоимость синтеза ДНК для хранения данных в 2024 г. составляла приблизительно 35–122 доллара за мегабайт при масштабировании до 1 гигабайта [17], при этом отраслевой целевой показатель составляет 1 доллар за гигабайт к 2024 г. и 1 доллар за терабайт к 2030-му⁵. Стоимость секвенирования человеческого генома снизилась до 200–600 долларов благодаря внедрению платформы Illumina NovaSeq X⁶. Стоимость синтеза ДНК – около 0,001–0,07 доллара за пару оснований в зависимости от технологии и масштаба⁷.

⁴ The latest biotech and pharmaceutical news from BioSpace URL: www.biospace.com (дата обращения 02.03.26)

⁵ Whitepaper: Preserving our Digital Legacy: An Introduction to DNA Data Storage. URL: <https://dnastoragealliance.org/wp-content/uploads/2021/06/DNA-Data-Storage-Alliance-An-Introduction-to-DNA-Data-Storage.pdf> (дата обращения 02.03.26)

⁶ 3B-GENOME Whole genome sequencing-based genetic testing service // 3billion. URL: <https://3billion.io/whole-genome-sequencing> (дата обращения 02.03.26)

⁷ URL: <https://eureka.patsnap.com>; URL: <https://1centbp.com> (дата обращения 02.03.26)

Рынок ДНК-хранения данных оценивался в 72–77 млн долларов в 2024 г. и ожидается, что к 2030–2033 гг. вырастет до 3,3–5,5 млрд долларов⁸.

Текущая стоимость хранения данных в ДНК составляет приблизительно 130 долларов за гигабайт по сравнению с 0,015–0,02 доллара за гигабайт для облачного хранения⁹, однако к концу 2024 г. прогнозировалось снижение до 100 долларов за терабайт¹⁰. Данные показатели демонстрируют устойчивую динамику снижения затрат и постепенную коммерциализацию технологии.

Принципы и технологические аспекты хранения данных в ДНК

Хранение цифровых данных в ДНК представляет собой междисциплинарное направление, объединяющее теорию информации, биоинформатику, молекулярную биологию и инженерные науки. Организация процесса хранения основывается на

преобразовании бинарной информации в последовательности нуклеотидов – аденина (А), тимина (Т), гуанина (G) и цитозина (C), где каждый нуклеотид может кодировать два бита данных [14, 17] (рисунок 2).

Эффективное кодирование обеспечивается с помощью алгоритмов, таких как кодирование Хаффмана, троичное представление и фонтан-коды, которые повышают устойчивость к ошибкам¹¹ [18]. Для минимизации ошибок вводятся ограничения на содержание GC-пар, избегаются длинные гомополимерные участки, а также применяется избыточность за счет адресных последовательностей и индексов, что позволяет однозначно идентифицировать и восстанавливать фрагменты данных [19]. Современные системы комбинируют физическую избыточность – многократный синтез одинаковых олигонуклеотидов – с логической, реализованной через алгоритмы коррекции ошибок, что компенсирует погрешности на этапах записи, хранения и чтения [15, 19, 20].

⁸ URL: www.marketsandmarkets.com; URL: <https://straitsresearch.com> (дата обращения 02.03.26)

⁹ URL: <https://www.linkedin.com/pulse/from-silicon-genome-future-data-centers-dna-storage-sameer-srivastava-cr9xc> (дата обращения 02.03.26)

¹⁰ URL: <https://explodingtopics.com> (дата обращения 02.03.26)

¹¹ DNA Data Storage Codecs v1.0. URL: <https://www.snia.org/sites/default/files/DNA/SNIA-DNA-Data-Storage-Codecs-v1.0.pdf> (дата обращения 05.02.2026)



Рис. 2. Процесс организации хранения данных в ДНК

Fig. 2. The Process of Organizing Data Storage in DNA

Такой подход позволяет надежно кодировать разнородные данные (текст, изображения, аудио- и видеофайлы) в устойчивые к повреждениям ДНК-последовательности [15, 21] (рисунок 3). Запись информации в ДНК осуществляется химическим или ферментативным синтезом (таблица 2, составлена на основе [22]). Наиболее распространенным остается фосфорамидитный метод, обеспечивающий высокую точность и параллельность синтеза, несмотря на ограничение длины олигонуклеотидов до 150–230 нуклеотидов [23, 24].

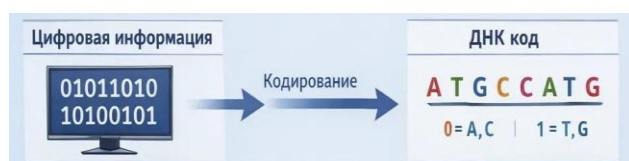


Рис. 3. Кодирование информации в ДНК

Fig. 3. Encoding of Information in DNA

ТАБЛИЦА 2. Методы синтеза ДНК

TABLE 2. Methods of DNA Synthesis

Наименование	Описание	Сфера применения
Полимеразная цепная реакция (ПЦР)	Процесс амплификации молекулы ДНК, включающий этапы денатурации, отжига и полимеризации образцов для получения нужного числа их копий	Диагностика заболеваний Криминалистика Наука
Химический синтез	Процесс создания в искусственных условиях коротких последовательностей ДНК (олигонуклеотидов), посредством их фосфорилирования, конденсации и очистки	Медицина Сельское хозяйство Промышленность Экология

Современные высокопараллельные методы обеспечивают одновременный синтез миллионов последовательностей, что существенно способствует масштабированию [23, 25]. Параллельно разрабатываются альтернативные технологии, например, энзиматический синтез с использованием TdT, устраняющий необходимость в токсичных реагентах и потенциально позволяющий снизить затраты и повысить скорость процесса [25]. Такие подходы способствуют созданию более экологических и экономичных решений. Для извлечения данных применяются высокопроизводительные секвенирующие платформы, включая NGS (например, Illumina с синтезирующим секвенированием) и мономолекулярные методы третьего поколения вроде Oxford Nanopore, отличающиеся большей длиной чтений, но более высоким уровнем ошибок [26]. Процесс подразумевает подготовку образцов, селективную ПЦР с уникальными праймерами и последующее декодирование [27]. Основной задачей остается коррекция ошибок, достигаемая кластеризацией множества копий одной последовательности и построением консенсуса. При достаточной избыточности – как физической, так и логической – возможно практически безошибочное восстановление данных несмотря на высокие уровни ошибок секвенирования [28]. Методы секвенирования ДНК и сферы их применения представлены в таблице 3 (составлено авторами на основе [18]).

ТАБЛИЦА 3. Методы секвенирования ДНК

TABLE 3. Methods of DNA Sequencing

Наименование	Описание	Сфера применения
Метод Сэнгера	Построение новой комплементарной последовательности ДНК на основе формирования ДНК-матрицы посредством применения фермента ДНК-полимеразы	Генетика Геномика Биоинформатика Медицина
Полногеномное секвенирование следующего поколения (NGS, от англ. Next Generation Sequencing)	Считывание подготовленных библиотек исследуемых образцов фрагментированной ДНК путем их клональной амплификации и добавления помеченных нуклеотидов в растущие последовательности ДНК, а также обработка полученных данных с помощью биоинформатических алгоритмов	Диагностика Медицина Агробиотехнологии
Нанопоровое секвенирование	Применение нанометровых белковых или твердотельных пор для определения проходящих сквозь них нуклеотидов под воздействием электрического тока и считывания информации в конкретный момент времени	Сборка геномов Диагностика

ПЦР применяется для амплификации молекул ДНК, включающей этапы денатурации, отжига и полимеризации, что обеспечивает получение необходимого количества копий. Данный метод находит применение в диагностике заболеваний, криминалистике и научных исследованиях [22]. Химический синтез позволяет формировать короткие ДНК-последовательности, олигонуклеотиды, посредством процессов фосфорилирования, конденсации и очистки, что используется в медицине, сельском хозяйстве, промышленности и экологии. Метод Сэнгера заключается в построении комплементарной последовательности ДНК с помощью ДНК-матрицы и фермента ДНК-полимеразы, находя применение в генетике, геномике, биоинформатике и медицине [18, 29].

NGS осуществляет считывание подготовленных библиотек фрагментированной ДНК, совмещая клонирование и добавление маркированных нуклеотидов в растущие последовательности, а полученные данные обрабатываются биоинформатическими алгоритмами. Этот подход используется в диагностике, медицине и агробиотехнологиях. Нанопоровое секвенирование основано на прохождении нуклеотидов через нанометровые белковые или твердотельные поры, где с помощью электрического тока регистрируется информация во временном разрезе, что применяется для сборки геномов и диагностики [18, 29].

Поскольку процессы синтеза и секвенирования сопровождаются ошибками в виде замен, вставок и удалений (инделов), разработка эффективных алгоритмов коррекции ошибок является важным условием для надежного хранения данных [28]. В частности, применяются внешние коды, такие как коды Рида – Соломона, LDPC, BCH и фонтан-коды, способные восстанавливать потерянную информацию [30]. В системах комбинированного типа внешние коды устраняют пропажи целых последовательностей, тогда как внутренние корректируют ошибки на уровне отдельных нуклеотидов. Перспективным направлением является интеграция методов машинного обучения для оптимизации параметров кодирования и снижения избыточности, что способствует повышению плотности хранения и эффективности системы.

Одним из ключевых преимуществ ДНК в качестве носителя информации считается ее высокая стабильность. Экспериментальные данные по восстановлению молекул ДНК из образцов возрастом в сотни тысяч лет подтверждают потенциал ДНК для долговременного архивирования¹². При хранении в дегидратированном состоянии, при низ-

¹² Challenge Guide. DNA based storage. 2022. URL: https://eic.ec.europa.eu/system/files/2022-06/Challenge%20Guide%202022_DNA_based%20storage.pdf (дата обращения 07.02.2026)

ких температурах или в защитных матрицах, например, микрочастицах силики, сохраняется целостность молекул в течение тысячелетий, что делает ДНК перспективным материалом для «холодного» архивирования данных. Внешние факторы, такие как температура, влажность, УФ-излучение и окислительные процессы, оказывают существенное влияние на стабильность и требуют разработки методов стабилизации [13]. В то же время исследуются зеркальные изомеры ДНК (*L*-формы), которые проявляют устойчивость к ферментативному разложению, что может дополнительно повысить биофизическую защиту молекул.

В сравнении с традиционными носителями информации (жесткими дисками, флеш-накопителями и магнитными лентами) ДНК обладает теоретической плотностью хранения, достигающей 10^{19} – 10^{22} бит/см³, что превосходит существующие технологии на несколько порядков (10^9 – 10^{13} байт/мм³) [31]. Кроме того, ДНК требует значительно меньших энергетических затрат и не нуждается в постоянном охлаждении, что обеспечивает долговечность, недоступную для кремниевых и магнитных носителей [19, 32]. Вместе с тем значительными препятствиями остаются высокая стоимость синтеза и секвенирования, относительно низкая скорость доступа к данным, а также отсутствие общепринятых стандартов для случайного доступа и репликации. Современные исследования направлены на преодоление этих ограничений. Среди перспективных решений – микрофлюидные чипы, обеспечивающие параллельную обработку многочисленных реакций, и интегрированные полупроводниковые платформы, способствующие снижению затрат и ускорению записи данных [14, 32]. Значительное внимание уделяется использованию искусственного интеллекта для оптимизации кодирования и прогнозирования ошибок.

Дополнительно исследуется возможность *in vivo* хранения информации в живых организмах, таких как бактерии и дрожжи, с применением систем CRISPR-Cas для записи данных непосредственно в геном, что открывает перспективу создания самовоспроизводящихся «живых архивов» [14, 33]. Однако такие подходы сопряжены с проблемами биобезопасности и контроля мутаций [32]. Для успешного внедрения технологии требуется интеграция всех этапов – от кодирования до декодирования – в автоматизированный процесс [15, 19]. В данный момент разрабатываются междисциплинарные платформы, объединяющие достижения молекулярной биологии, информатики и микроэлектроники, с целью создания стандартизированных решений [15, 34]. Ключевыми задачами остаются унификация кодов, протоколов работы с ДНК-носителями и алгоритмов коррекции ошибок, что должно обеспечить совместимость и ускорить внедрение технологии [15, 23].

Таким образом, хранение данных в ДНК представляет собой реалистичную и интенсивно развивающуюся технологию с уникальными свойствами: очень высокой плотностью, долговечностью, энергоэффективностью и экологической устойчивостью¹³ [27]. Несмотря на существующие технологические и экономические ограничения, комплексный подход, сочетающий биотехнологии, теорию информации и вычислительную технику, позволяет предвидеть появление коммерчески жизнеспособных решений для архивного хранения в обозримом будущем [28]. Ожидается, что подобные системы существенно повлияют на инфраструктуру центров обработки данных, снизив их энергозатраты и экологический след [28, 30]. В дальнейшей перспективе развитие технологии будет связано со снижением стоимости синтеза, повышением точности секвенирования и созданием систем, способных к перезаписи, например, посредством мобильных генетических элементов или инверсии последовательностей. Особое значение приобретает обсуждение вопросов биоэтики и кибербезопасности, особенно при использовании живых организмов в качестве носителей информации [31]. В целом накопленный научный и технологический потенциал свидетельствует о возможности превратить ДНК в базу для новых поколений информационных систем, способных обеспечивать сохранение глобальных цифровых архивов на протяжении тысячелетий при минимальных ресурсных затратах [13].

Математические модели ДНК-архивирования

Математические модели занимают важное место в развитии ДНК-архивирования, обеспечивая баланс между плотностью хранения, надежностью и технологическими ограничениями. Эффективность таких систем определяется алгоритмами кодирования, декодирования, коррекции ошибок и оптимизации последовательностей, учитывающими физико-химические особенности биологических сред и требования к сохранности информации. Современные методы объединяют теорию кодирования, теорию информации, статистическую физику и вычислительную оптимизацию для создания масштабируемых решений. Как показывают недавние работы, включая [35], перспективным направлением становится интеграция математических моделей с аппаратными платформами и алгоритмами машинного обучения. Будущие системы, вероятно, будут использовать глубокое обучение для генерации оптимальных последовательностей и адаптивные коды, способные подстраиваться под условия синтеза, хранения и характер ошибок. В

¹³ DNA Storage Technology Review v1.0. URL: <https://www.snia.org/sites/default/files/DNA/SNIA-DNA-Storage-Technology-Review-v1.0.pdf> (дата обращения 05.02.2026)

этой главе представлены основные математические подходы современных систем ДНК-архивирования на основе текущих научных достижений.

Основы кодирования информации в ДНК

Процесс ДНК-архивирования начинается с преобразования бинарных данных (0 и 1) в последовательности нуклеотидов (A, T, C, G). Простейший подход – прямое отображение, например: 00 → A, 01 → C, 10 → G, 11 → T. Однако подобный способ не учитывает биохимические ограничения, такие как длина последовательности, GC-состав и склонность к образованию вторичных структур, что может привести к ошибкам при синтезе и чтении [36].

Для повышения надежности применяются модели кодирования с контролем параметров. Одной из ключевых характеристик является GC-содержание, определяемое как доля нуклеотидов G и C в последовательности:

$$GC - \text{content} = \frac{N_G + N_C}{N_A + N_T + N_G + N_C} \times 100 \%, \quad (1)$$

где N_x – количество нуклеотидов типа X.

Слишком высокое (> 60 %) или низкое (< 40 %) GC-содержание затрудняет синтез и секвенирование [37], поэтому математически оптимальные коды строятся с ограничением на GC-состав, например, в пределах 45–55 %. В работе [38] предложена модель, использующая сбалансированные коды, где каждый олигонуклеотид содержит фиксированное число G и C, что минимизирует вариабельность амплификации.

Коды коррекции ошибок

Ошибки в ДНК-архивировании возникают на всех этапах: синтез (вставка / делеция / замена нуклеотидов), хранение (деградация) и секвенирование (ошибки чтения). Для борьбы с ними применяются коды коррекции ошибок (ЕСС, аббр. от англ. Error Correction Code). Одним из наиболее эффективных подходов является использование кодов Рида – Соломона, адаптированных к ДНК-формату.

Пусть исходное сообщение представлено в виде вектора $m = (m_1, m_2, \dots, m_k)$ над конечным полем F_q . Код Рида – Соломона генерирует кодовое слово длины $n > k$ путем интерполяции полинома степени $k - 1$:

$$P(x) = m_1 + m_2x + \dots + m_kx^{k-1}. \quad (2)$$

Такой код способен исправлять до $t = \frac{n-k}{2}$ ошибок [35].

В работе [38] предложена гибридная модель, сочетающая коды Рида – Соломона с внутрицепочечной избыточностью (inner code), что позволяет эффективно исправлять как случайные, так и пакетные ошибки. Авторы показывают, что при ис-

пользовании такой схемы вероятность потери данных снижается до менее чем 10^{-6} при уровне ошибок синтеза до 5 %.

Модели оптимизации последовательностей

Критически важным этапом является оптимизация последовательностей для минимизации образования вторичных структур (например, шпильки), которые мешают амплификации и секвенированию.

Энергия образования вторичных структур оценивается с помощью модели свободной энергии нуклеиновых кислот по следующей формуле:

$$\Delta G = \Delta H - T \Delta S, \quad (3)$$

где ΔH – изменение энтальпии; ΔS – изменение энтропии; T – температура.

Чем отрицательнее ΔG , тем стабильнее вторичная структура, поэтому требуется минимизировать $|\Delta G|$ для всех возможных палиндромных и самокомплементарных участков [37].

В работе предложена стохастическая оптимизация на основе модели Изинга, где каждая позиция в последовательности рассматривается как спин, а взаимодействия между нуклеотидами моделируются как парные взаимодействия.

Энергия системы определяется как:

$$E = - \sum_{i < j} J_{ij} \delta(s_i, s_j), \quad (4)$$

где s_i – нуклеотид на позиции i ; s_j – комплементарный нуклеотид; δ – индикатор совпадения; J_{ij} – вес взаимодействия, зависящий от расстояния и типа пары.

Минимизация E позволяет генерировать последовательности с низкой склонностью к самокомплементарности.

Модели хранения и выборки данных

Еще одной проблемой является адресация и выборка данных. В больших ДНК-архивах невозможно секвенировать все молекулы, поэтому применяется ПЦР-амплификация с использованием специфических праймеров. Математически задача сводится к построению уникальных адресных меток (адресных кодов), которые должны быть:

- взаимно ортогональными (минимизировать кросс-гибридизацию);
- устойчивыми к ошибкам;
- короткими (для экономии места).

В работе [36] предложена модель на основе кодов с фиксированным расстоянием Хэмминга.

Пусть S – множество кодовых слов длины n над алфавитом $\{A, T, C, G\}$, тогда минимальное расстояние Хэмминга $d_{\min}$ определяется как:

$$d_{\min} = \min_{c_i, c_j \in S, i \neq j} d_H(c_i, c_j), \quad (5)$$

где $d_H(c_i c_j)$ – число позиций, в которых c_i и c_j различаются.

При $d_{\min} \geq 3$ код способен обнаруживать до 2 ошибок и исправлять 1. Авторы демонстрируют, что использование кодов с $d_{\min} = 4$ и длиной 10 нуклеотидов позволяет адресовать до 10^6 уникальных фрагментов с вероятностью коллизии менее 10^{-9} .

Модели оценки емкости и надежности

Общая емкость ДНК-архива определяется как:

$$C = L \cdot N \cdot \log_2(4) = 2L \cdot N \text{ бит}, \quad (6)$$

где L – средняя длина олигонуклеотида (в нуклеотидах); N – количество уникальных молекул.

Однако реальная емкость снижается из-за избыточности (ЕСС, адресация, индексы).

Эффективная емкость вычисляется с помощью выражения:

$$C_{\text{eff}} = C \cdot (1 - \rho), \quad (7)$$

где ρ – доля избыточных данных.

Показано, что при использовании многоуровневого кодирования (внешний Рида – Соломона и внутренний сверточный код) ρ может достигать 40 %, но это компенсируется высокой надежностью [38].

Надежность архива оценивается через вероятность успешного восстановления P_{rec} при независимых ошибках с вероятностью p и использовании ЕСС, исправляющего до t ошибок в блоке длины n :

$$P_{\text{rec}} = \sum_{i=0}^t (n_i) p^i (1 - p)^{n-i}. \quad (8)$$

В работе К. Такахаши с соавторами приведены данные, что при:

$$p = 0,01, n = 100, t = 3, P_{\text{rec}} \approx 0,9997.$$

Таким образом, система пригодна для долгосрочного хранения [39].

Применение технологий хранения данных в ДНК

Хранение цифровой информации в ДНК представляет собой междисциплинарное направление, объединяющее молекулярную биологию, информационные технологии, нанотехнологии и системы автоматизации. В последние годы усилия исследователей сосредоточены на повышении плотности, долговечности и надежности хранения, а также на оптимизации процессов синтеза, кодирования и секвенирования¹⁴ [13]. Эти разработки приближа-

ют возможность практического внедрения ДНК-архивов в промышленных масштабах [16].

В 2019 г. была представлена первая полностью автоматизированная система хранения данных в ДНК, включающая модули кодирования / декодирования, синтеза и подготовки ДНК для секвенирования [15, 40]. Компактность и модульность устройства позволяют минимизировать затраты и обеспечить автономную работу, что делает его перспективным для массового архивирования.

Китайские исследователи предложили использовать ДНК-оригами для криптографической защиты данных, формируя наноструктуры из молекул вирусного каркаса М13, напоминающие шрифт Брайля, что позволяет создавать криптографические ключи объемом свыше 700 бит [13]. Связывание белков с определенными участками ДНК обеспечивает стеганографическую защиту, а объединение нескольких фрагментов поддерживает целостность передаваемой информации, включая текст, изображения и видеофайлы [15, 28]. В 2021 г. в Северо-Западном университете разработали метод быстрой записи данных с применением ферментативных биосенсоров, преобразующих внешние сигналы в нуклеотидные последовательности за несколько минут, что открывает возможности для систем в реальном времени. В 2022 г. китайская группа представила систему кодирования «Инь-Ян», позволяющую упаковывать два бита в один нуклеотид; эксперименты демонстрируют высокую степень восстановления информации (до 99,9 % при более, чем на 10 копиях) [16], приближающуюся к теоретическому пределу плотности хранения [13]. В 2023 г. М. Никитин предложил принцип молекулярной коммутации на основе взаимодействия олигонуклеотидов через вспомогательные коммутаторы, создав цифровую модель информационной ячейки объемом 572 бита, что не имеет аналогов в современных системах, и открывающую перспективы для ДНК-компьютеров с сложными логическими операциями [15]. В то же время группа под руководством Тома де Грифа разработала метод чтения ДНК с белково-полимерными микрокапсулами, где участки ДНК фиксируются на капсулах, запечатывающихся при нагревании (свыше 50 °С), что позволяет проводить ПЦР внутри капсул и значительно снижать потери данных при многократном чтении (до 0,3 % против 35 % традиционного метода)¹⁵ [16]. Современные исследования активно применяют ИИ, нейронные сети и машинное обучение для оптимизации кодирования, поиска и коррекции ошибок, с особым акцентом на трансформерные

¹⁴ Data Stability Evaluation Method for DNA Data Storage Containment%20Systems%20v1.0. URL: <https://www.snia.org/sites/default/files/technical-work/dna-data-stabil-ity/release/Data%20Stability%20Evaluation%20Method%20for%20DNA%20Data%20Storage%20Containment%20Systems%20v1.0.pdf> (дата обращения 05.02.2026)

¹⁵ Хранение данных в ДНК становится реальностью. 2023. URL: <https://www.osp.ru/articles/2023/0516/13057156> (дата обращения 07.02.2026)

модели, способствующие снижению избыточности и увеличению плотности хранения. Практическое применение охватывает медицину (диагностика, персонализированное лечение), криминалистику (анализ биологических улик), культуру и искусство (долговременное сохранение), а также государственные и финансовые структуры для резервного копирования критически важной информации [13, 15, 16, 28].

Вместе с тем развитие технологии сопряжено с этическими рисками манипуляции генетическим материалом и биологическим оружием [41]. Персональные и наследуемые геномные данные требуют особой защиты, поскольку их утечка затрагивает не только отдельных лиц, но и родственников [27]. Отсутствие единых правовых норм, регулирующих доступ и хранение ДНК-информации, подчеркивает необходимость совершенствования законодательства, включая Федеральный закон № 242-ФЗ. Технические проблемы связаны с ошибками синтеза и секвенирования, нестабильностью последовательностей и сложностями интеграции биополимеров с цифровыми системами [15, 41]; несмотря на применение коррекции ошибок и ИИ, полное устранение этих проблем требует дальнейших исследований [13, 15].

Таким образом, ДНК-архивы демонстрируют существенный потенциал, а достижения в автоматизации, криптографии, молекулярной коммутации и методах чтения данных приближают к созданию энергоэффективных, долговечных систем хранения [13, 15, 16]. Успех требует междисциплинарного взаимодействия специалистов из биологии, информатики, права и этики для разработки стандартов, обеспечения безопасности и правового регулирования [16]. Перспективы связаны с улучшением синтеза и секвенирования, эффективным кодированием (например, системами «Инь-Ян»), интеграцией ИИ и развитием криптографических и стеганографических методов [13, 28, 42]. В условиях экспоненциального роста данных ДНК-хранение способно обеспечить высокую плотность и устойчивость для долгосрочного сохранения исторических, научных и культурных сведений. В заключение, несмотря на технические, этические и правовые вызовы, достигнутые результаты указывают на перспективу создания надежных и масштабируемых систем на основе ДНК, требующих согласованных усилий научного, инженерного и правового сообществ [15, 28, 41].

Перенос идеи молекулярного архива в космический контекст трансформирует саму природу задачи: речь идет уже не просто об оптимизации инфраструктуры дата-центров, а о создании автономного носителя, способного сохранять информацию в условиях, где земные аналоги теряют работоспособность. Глубокий космос парадоксальным

образом предлагает среду, где сверхнизкие температуры и отсутствие атмосферной влаги выступают не разрушающим фактором, а естественным консервантом, синергично дополняющим стабильность дегидратированного биополимера. В таком сценарии ДНК-носитель перестает быть компонентом требующей обслуживания системы и превращается в пассивную «капсулу памяти», не зависящую от энергопитания, миграции форматов или человеческого присутствия на протяжении тысячелетий орбитального дрейфа или нахождения на поверхности других небесных тел.

Главная сложность космического архивирования при этом смещается из физической плоскости в эпистемологическую: как гарантировать, что закодированные последовательности останутся не просто сохраненными, но и интерпретируемыми для получателя, чей технологический уклад и логика обработки данных могут радикально отличаться от современных земных стандартов? Это требует проектирования самодокументируемых схем, где алгоритм восстановления информации встроен в физико-химические паттерны самой молекулы или в ее структурную избыточность, а не опирается на внешние спецификации. В долгосрочной перспективе подобные молекулярные архивы могут стать не резервными копиями текущего знания, а фундаментом для межвременного и межкультурного диалога, где биологическая структура выступает одновременно и хранилищем, и универсальным мостом, преодолевающим разрывы геологических эпох и космических расстояний.

Заключение

В условиях стремительного роста объемов генерируемой информации традиционные системы хранения данных все чаще сталкиваются с фундаментальными ограничениями по плотности, энергопотреблению, долговечности и экологической устойчивости. В этом контексте технология биомолекулярного хранения данных на основе ДНК выступает как одно из наиболее перспективных решений, способное кардинально изменить подход к информационному архивированию в ближайшие десятилетия. Высочайшая плотность упаковки информации, потенциал хранения данных на протяжении тысячелетий при минимальных энергозатратах и низкое экологическое воздействие делают ДНК уникальным кандидатом на роль долгосрочного цифрового архива.

Анализ современных подходов к кодированию, синтезу, хранению и считыванию информации в ДНК показывает, что, несмотря на значительный научный прогресс, технология все еще находится на стадии активного развития. Основными барьерами остаются высокая стоимость синтеза и секве-

нирования, относительно низкая скорость записи и чтения данных, а также необходимость совершенствования методов коррекции ошибок и масштабирования процессов. Тем не менее, комбинированный подход, интегрирующий достижения молекулярной биологии, биоинформатики, нанотехнологий и информационных систем, открывает реальные перспективы для преодоления этих ограничений.

Перспективы внедрения ДНК-архивирования охватывают широкий спектр областей – от научных архивов и государственных хранилищ до медицинских баз данных, криминалистических систем и сохранения культурного наследия. Однако успешная реализация этих возможностей требует не только научно-технических прорывов, но и выработки комплексной нормативно-правовой

базы, учитывающей этические, правовые и безопасностные аспекты работы с биологическими носителями информации.

Ключевое значение в развитии технологии будет иметь системная государственная поддержка, включающая финансирование фундаментальных и прикладных исследований, разработку отраслевых стандартов, создание образовательных программ для подготовки кадров в области биоинформатики и биотехнологий, а также повышение общественной осведомленности о потенциале и рисках ДНК-хранилищ. Только синергия науки, технологий, регуляторной политики и общественного доверия позволит превратить ДНК из перспективного экспериментального носителя в надежную и устойчивую основу будущих информационных архитектур.

Список источников

1. Чемерис А.В. ДНК – поистине цифровая молекула // Международная конференция «Математическая биология и биоинформатика» (Пушино, Российская Федерация, 14–17 октября 2024 г.). Пушино: Институт математических проблем биологии РАН, 2024. Т. 10. С. 149–155. DOI:10.17537/icmbb24.23. EDN:TRDGMF
2. Shweta, Ahmad H. A Detailed Analysis of Issues with Solid-State Devices // In: Das S.K., Majumder S., Dey N. (eds) Robotics and Automation in Industry 4.0. 2024. PP. 168–188. DOI:10.2174/9789815223491124010013
3. Micheloni R., Crippa L. Solid State Drives (SSDs) // In: Micheloni, R. (eds) Solid-State-Drives (SSDs) Modeling. Springer Series in Advanced Microelectronics. Cham: Springer, 2017. Vol. 58. DOI:10.1007/978-3-319-51735-3_1
4. Wei Y., Li B., Du D.H.C. DNA Storage: A Promising Large Scale Archival Storage? arXiv:2204.01870. 2022. DOI:10.48550/ARXIV.2204.01870
5. Ezekannagha C., Becker A., Heider D., Hattab G. Design considerations for advancing data storage with synthetic DNA for long-term archiving // Materials Today Bio. 2022. Vol. 15. P. 100306. DOI:10.1016/j.mtbio.2022.100306. EDN:CBAXKB
6. Chen W.L., Zhang J.Y. Dimension expansion of high-capacity optical data storage // Opto-Electronic Engineering. 2019. Vol. 46. Iss. 3. P. 180571. DOI:10.12086/oe.2019.180571. EDN:UONJID
7. Bhat W.A. Long-term preservation of big data: prospects of current storage technologies in digital libraries // Library Hi Tech. 2018. Vol. 36. Iss. 3. PP. 539–555. DOI:10.1108/LHT-06-2017-0117
8. Riggs H., Tufail S., Parvez I., Sarwat A. Survey of Solid State Drives, Characteristics, Technology, and Applications. Proceedings of the SoutheastCon (Raleigh, USA, 28–29 March 2020). IEEE, 2020. DOI:10.1109/SoutheastCon44009.2020.9249760
9. Zhi Y., Hu J., Xiao Z., Xie D., Cao Q., Gan Z., et al. Decoding the future: opportunities and challenges in next-generation optical data storage [Invited] // Chinese Optics Letters. 2023. Vol. 21. Iss. 12. P. 120051. DOI:10.3788/COL202321.120051. EDN:KWLYND
10. Rosenthal D.S.H. The medium-term prospects for long-term storage systems // Library Hi Tech. 2017. Vol. 35. Iss. 1. PP. 11–31. DOI:10.1108/lht-11-2016-0128
11. Byron J., Long D.D.E., Miller E.L. Using Simulation to Design Scalable and Cost-Efficient Archival Storage Systems // Proceedings of the 26th International Symposium on Modeling, Analysis, and Simulation of Computer and Telecommunication Systems (MASCOTS, Milwaukee, USA, 25–28 September 2018). IEEE, 2018. PP. 25–39. DOI:10.1109/MASCOTS.2018.00011
12. Kumar D., Jin T., Sbiaa R., Kläui M., Bedanta S., Fukami S., et al. Domain wall memory: Physics, materials, and devices // Physics Reports. 2022. Vol. 958. PP. 1–35. DOI:10.1016/j.physrep.2022.02.001
13. Akhtar Z.B., Tajbiul Rawol A. Unlocking the Future for the New Data Paradigm of DNA Data Storage: An Investigative Analysis of Advancements, Challenges, Future Directions // Journal of Information Sciences. 2024. Vol. 23. Iss. 1. DOI:10.34874/IMIST.PRSM/JIS-V23I1.47102
14. Ceze L., Nivala J., Strauss K. Molecular digital data storage using DNA // Nature Reviews Genetics. 2019. Vol. 20. Iss. 8. PP. 456–466. DOI:10.1038/s41576-019-0125-3
15. Doricchi A., Platnich C.M., Gimpel A., Horn F., Earle M., Lanzavecchia G., et al. Emerging Approaches to DNA Data Storage: Challenges and Prospects // ACS Nano. 2022. Vol. 16. Iss. 11. PP. 17552–17571. DOI:10.1021/acsnano.2c06748. EDN:IWUJOH
16. Akhtar Z.B. Unraveling the Promise of Computing DNA Data Storage: An Investigative Analysis of Advancements, Challenges, Future Directions // Journal of Advances in Artificial Intelligence. 2024. Vol. 2. Iss. 1. PP. 122–137. DOI:10.18178/JAAI.2024.2.1.122-137. EDN:DKQBPA
17. Wang C., Wei D., Wei Z., Yang D., Xing J., Wang Y., X., et al. Cost-Effective DNA Storage System with DNA Movable Type // Advanced Science. 2025. Vol. 12. Iss. 9. P. 2411354. DOI:10.1002/advs.202411354
18. Wang Y., Zhao Y., Bollas A., Wang Y., Au K.F. Nanopore sequencing technology, bioinformatics and applications // Nature Biotechnology. 2021. Vol. 39. Iss. 11. PP. 1348–1365. DOI:10.1038/s41587-021-01108-x. EDN:JLNCRK
19. Dong Y., Sun F., Ping Z., Ouyang Q., Qian L. DNA storage: research landscape and future prospects // National Science Review. 2020. Vol. 7. Iss. 6. PP. 1092–1107. DOI:10.1093/nsr/nwaa007. EDN:VHIGZE

20. Xiang L., Liu Q., Chen S., Yan K., Wu W., Yang K. A Tutorial on Coding Methods for DNA-Based Molecular Communications and Storage // IEEE Internet of Things Journal. 2024. Vol. 11. Iss. 7. PP. 11825–11847. DOI:10.1109/JIOT.2023.3332903. EDN:DYEUCY
21. Antonini M., Cruz L., da Silva E., Melpomeni D., Ebrahimi T., Foessel S., et al. DNA-based Media Storage: State-of-the-Art, Challenges, Use Cases and Requirements. 2021. URL: <https://hal.science/hal-03447138v1/document> (Accessed 13.08.2026)
22. Shevelev G.Y., Pyshnyi D.V. Modern approaches to artificial gene synthesis: aspects of oligonucleotide synthesis, enzymatic assembly, sequence verification and error correction // Vavilov Journal of Genetics and Breeding. 2018. Vol. 22. Iss. 5. PP. 498–506. DOI:10.18699/VJ18.387. EDN:XUWEYH
23. Liu Q., Yang K., Xie J., Sun Y. DNA-Based Molecular Computing, Storage, and Communications // IEEE Internet of Things Journal. 2022. Vol. 9. Iss. 2. PP. 897–915. DOI:10.1109/jiot.2021.3083663. EDN:DXXAWD
24. Meiser L.C., Antkowiak P.L., Koch J., Chen W.D., Kohl A.X., Stark W.J., et al. Reading and writing digital data in DNA // Nature Protocols. 2020;15(1):86–101. DOI:10.1038/s41596-019-0244-5
25. Matange K., Tuck J.M., Keung A.J. DNA stability: a central design consideration for DNA data storage systems // Nature Communications. 2021. Vol. 12. Iss. 1. P. 1358. DOI:10.1038/s41467-021-21587-5. EDN:BRNDISI
26. Meiser L.C., Nguyen B.H., Chen Y.J., Nivala J., Strauss K., Ceze L., Grass R.N. Synthetic DNA applications in information technology // Nature Communications. 2022. Vol. 13. Iss. 1. P. 352. DOI:10.1038/s41467-021-27846-9
27. Panda D., Molla K.A., Baig M.J., Swain A., Behera D., Dash M. DNA as a digital information storage device: hope or hype? // 3 Biotech. 2018. Vol. 8. Iss. 5. P. 239. DOI:10.1007/s13205-018-1246-7. EDN:FXDZKE
28. Raza M.H., Desai S., Aravamudhan S., Zadeegan R. An outlook on the current challenges and opportunities in DNA data storage // Biotechnology Advances. 2023;66:108155. DOI:10.1016/j.biotechadv.2023.108155. EDN:NZUEOE
29. Behjati S., Tarpey P.S. What is next generation sequencing? // Arch Dis Child Educ Pract Ed. 2013;98(6):236–8. DOI:10.1136/archdischild-2013-304340
30. De Silva P.Y., Ganegoda G.U. New Trends of Digital Data Storage in DNA // BioMed Research International. 2016. Vol. 2016. Iss. 1. P. 8072463. DOI:10.1155/2016/8072463
31. Yu M., Tang X., Li Z., Wang W., Wang S., Li M., et al. High-throughput DNA synthesis for data storage // Chem Soc Rev. 2024. Vol. 53. Iss. 9. PP. 4463–4489. DOI:10.1039/d3cs00469d. EDN:PVWNBH
32. Buko T., Tuczko N., Ishikawa T. DNA Data Storage // BioTech. 2023. Vol. 12. Iss. 2. P. 44. DOI:10.3390/biotech12020044. EDN:CEVLJG
33. Sun C., Li H., Liu Y., Li Y., Gao R., Shi X., et al. Iterative recombinase technologies for efficient and precise genome engineering across kilobase to megabase scales // Cell. 2025. Vol. 188. Iss. 17. PP. 4693–4710.e15. DOI:10.1016/j.cell.2025.07.011. EDN:HHDLUS
34. Kirichuk R., Pirmagomedov R., Glushakov R., Koucheryavy A. Live substance in cyberspace – Biodriver system // Proceedings of the 18th International Conference on Advanced Communication Technology (ICACT, PyeongChang, Korea (South), 31 January 2016 – 03 February 2016). IEEE, 2016. DOI:10.1109/ICACT.2016.7423357
35. Yang X., Shi X., Lai L., Chen C., Xu H., Deng M. Towards long double-stranded chains and robust DNA-based data storage using the random code system // Front Genet. 2023. Vol. 14. P. 1179867. DOI:10.3389/fgene.2023.1179867. EDN:AJZWOI
36. Yazdi S.M., Yuan Y., Ma J., Zhao H., Milenkovic O. A Rewritable, Random-Access DNA-Based Storage System // Scientific Reports. 2015. Vol. 5. P. 14138. DOI:10.1038/srep14138
37. Cao B., Wang B., Zhang Q. GCNSA: DNA storage encoding with a graph convolutional network and self-attention // iScience. 2023. Vol. 26. Iss. 3. P. 106231. DOI:10.1016/j.isci.2023.106231
38. Anavy L., Vaknin I., Atar O., Amit R., Yakhini Z. Improved DNA based storage capacity and fidelity using composite DNA letters // bioRxiv. 2018. DOI:10.1101/433524
39. Xie R., Zan X., Chu L., Su Y., Xu P., Liu W. Study of the error correction capability of multiple sequence alignment algorithm (MAFFT) in DNA storage // BMC Bioinformatics. 2023. Vol. 24. Iss. 1. P. 111. DOI:10.1186/s12859-023-05237-9. EDN:ZYZHRQ
40. Antkowiak P.L., Koch J., Nguyen B.H., Stark W.J., Strauss K., Ceze L., et al. Integrating DNA Encapsulates and Digital Microfluidics for Automated Data Storage in DNA // Small. 2022. Vol. 18. Iss. 15. P. e2107381. DOI:10.1002/smll.202107381. EDN:UWLNUK
41. Alsaffar M.M., Hasan M., McStay G.P., Sedky M. Digital DNA lifecycle security and privacy: an overview // Briefings in Bioinformatics. 2022. Vol. 23. Iss. 2. P. bbab607. DOI:10.1093/bib/bbab607. EDN:OAGOKB
42. Li K., Lu X., Liao J., Chen H., Lin W., et al. DNA-DISK: Automated end-to-end data storage via enzymatic single-nucleotide DNA synthesis and sequencing on digital microfluidics // PNAS. 2024. Vol. 121. Iss. 34. P. e2410164121. DOI:10.1073/pnas.2410164121

References

1. Chemeris A.V. DNA is a Truly Digital Molecule. *Proceedings of the International Conference on Mathematical Biology and Bioinformatics, 14–17 October 2024, Pushchino, Russian Federation, vol.10*. Pushchino: Institute of Mathematical Problems of Biology Publ.; 2024. p.149–155. (in Russ.) DOI:10.17537/icmbb24.23. EDN:TRDGMF
2. Shweta, Ahmad H. A Detailed Analysis of Issues with Solid-State Devices. In: *Das S.K., Majumder S., Dey N. (eds) Robotics and Automation in Industry 4.0*. 2024. p.168–188. DOI:10.2174/9789815223491124010013
3. Micheloni R., Crippa L. Solid State Drives (SSDs). In: *Micheloni, R. (eds) Solid-State-Drives (SSDs) Modeling. Springer Series in Advanced Microelectronics, vol.58*. Cham: Springer; 2017. DOI:10.1007/978-3-319-51735-3_1
4. Wei Y., Li B., Du D.H.C. DNA Storage: A Promising Large Scale Archival Storage? *arXiv:2204.01870*. 2022. DOI:10.48550/ARXIV.2204.01870

5. Ezekannagha C., Becker A., Heider D., Hattab G. Design considerations for advancing data storage with synthetic DNA for long-term archiving. *Materials Today Bio.* 2022;15:100306. DOI:10.1016/j.mtbio.2022.100306. EDN:CBAXKB
6. Chen W.L., Zhang J.Y. Dimension expansion of high-capacity optical data storage. *Opto-Electronic Engineering.* 2019; 46(3):180571. DOI:10.12086/oe.2019.180571. EDN:UONJID
7. Bhat W.A. Long-term preservation of big data: prospects of current storage technologies in digital libraries. *Library Hi Tech.* 2018;36(3):539–555. DOI:10.1108/LHT-06-2017-0117
8. Riggs H., Tufail S., Parvez I. Sarwat A. Survey of Solid State Drives, Characteristics, Technology, and Applications. *Proceedings of the SoutheastCon, 28–29 March 2020, Raleigh, USA.* IEEE; 2020. DOI:10.1109/SoutheastCon44009.2020.9249760
9. Zhi Y., Hu J., Xiao Z., Xie D., Cao Q., Gan Z., et al. Decoding the future: opportunities and challenges in next-generation optical data storage [Invited]. *Chinese Optics Letters.* 2023;21(12):120051. DOI:10.3788/COL202321.120051. EDN:KWLYND
10. Rosenthal D.S.H. The medium-term prospects for long-term storage systems. *Library Hi Tech.* 2017;35(1):11–31. DOI:10.1108/lht-11-2016-0128
11. Byron J., Long D.D.E. Miller E.L. Using Simulation to Design Scalable and Cost-Efficient Archival Storage Systems. *Proceedings of the 26th International Symposium on Modeling, Analysis, and Simulation of Computer and Telecommunication Systems, MASCOTS, 25–28 September 2018, Milwaukee, USA.* IEEE; 2018. p.25–39. DOI:10.1109/MASCOTS.2018.00011
12. Kumar D., Jin T., Sbiaa R., Kläui M., Bedanta S., Fukami S., et al. Domain wall memory: Physics, materials, and devices. *Physics Reports.* 2022;958:1–35. DOI:10.1016/j.physrep.2022.02.001
13. Akhtar Z.B., Tajbiul Rawol A. Unlocking the Future for the New Data Paradigm of DNA Data Storage: An Investigative Analysis of Advancements, Challenges, Future Directions. *Journal of Information Sciences.* 2024;23(1). DOI:10.34874/IMIST.PRSM/JIS-V2311.47102
14. Ceze L., Nivala J., Strauss K. Molecular digital data storage using DNA. *Nature Reviews Genetics.* 2019;20(8):456–466. DOI:10.1038/s41576-019-0125-3
15. Doricchi A., Platnich C.M., Gimpel A., Horn F., Earle M., Lanzavecchia G., et al. Emerging Approaches to DNA Data Storage: Challenges and Prospects. *ACS Nano.* 2022;16(11):17552–17571. DOI:10.1021/acsnano.2c06748. EDN:IWUJOH
16. Akhtar Z.B. Unraveling the Promise of Computing DNA Data Storage: An Investigative Analysis of Advancements, Challenges, Future Directions. *Journal of Advances in Artificial Intelligence.* 2024;2(1):122–137. DOI:10.18178/JAAI.2024.2.1.122-137. EDN:DKQBPA
17. Wang C., Wei D., Wei Z., Yang D., Xing J., Wang Y., X., et al. Cost-Effective DNA Storage System with DNA Movable Type. *Advanced Science.* 2025;12(9):2411354. DOI:10.1002/advs.202411354
18. Wang Y., Zhao Y., Bollas A., Wang Y., Au K.F. Nanopore sequencing technology, bioinformatics and applications. *Nature Biotechnology.* 2021;39(11):1348–1365. DOI:10.1038/s41587-021-01108-x. EDN:JLNCRK
19. Dong Y., Sun F., Ping Z., Ouyang Q., Qian L. DNA storage: research landscape and future prospects. *National Science Review.* 2020;7(6):1092–1107. DOI:10.1093/nsr/nwaa007. EDN:VHIGZE
20. Xiang L., Liu Q., Chen S., Yan K., Wu W., Yang K. A Tutorial on Coding Methods for DNA-Based Molecular Communications and Storage. *IEEE Internet of Things Journal.* 2024;11(7):11825–11847. DOI:10.1109/JIOT.2023.3332903. EDN:DYEUCY
21. Antonini M., Cruz L., da Silva E., Melpomeni D., Ebrahimi T., Foessel S., et al. *DNA-based Media Storage: State-of-the-Art, Challenges, Use Cases and Requirements.* 2021. URL: <https://hal.science/hal-03447138v1/document> (Accessed 13.08.2026)
22. Shevelev G.Y., Pyshnyi D.V. Modern approaches to artificial gene synthesis: aspects of oligonucleotide synthesis, enzymatic assembly, sequence verification and error correction. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding.* 2018;22(5):498–506. DOI:10.18699/VJ18.387. EDN:XUWEYH
23. Liu Q., Yang K., Xie J., Sun Y. DNA-Based Molecular Computing, Storage, and Communications. *IEEE Internet of Things Journal.* 2022;9(2):897–915. DOI:10.1109/jiot.2021.3083663. EDN:DXXAWD
24. Meiser L.C., Antkowiak P.L., Koch J., Chen W.D., Kohll A.X., Stark W.J., et al. Reading and writing digital data in DNA. *Nature Protocols.* 2020;15(1):86–101. DOI:10.1038/s41596-019-0244-5
25. Matange K., Tuck J.M., Keung A.J. DNA stability: a central design consideration for DNA data storage systems. *Nature Communications.* 2021;12(1):1358. DOI:10.1038/s41467-021-21587-5. EDN:BRNDSI
26. Meiser L.C., Nguyen B.H., Chen Y.J., Nivala J., Strauss K., Ceze L., Grass R.N. Synthetic DNA applications in information technology. *Nature Communications.* 2022;13(1):352. DOI:10.1038/s41467-021-27846-9
27. Panda D., Molla K.A., Baig M.J., Swain A., Behera D., Dash M. DNA as a digital information storage device: hope or hype? *3 Biotech.* 2018;8(5):239. DOI:10.1007/s13205-018-1246-7. EDN:FXDZKE
28. Raza M.H., Desai S., Aravamudhan S., Zadegan R. An outlook on the current challenges and opportunities in DNA data storage. *Biotechnology Advances.* 2023;66:108155. DOI:10.1016/j.biotechadv.2023.108155. EDN:NZUEOE
29. Behjati S., Tarpey P.S. What is next generation sequencing? *Arch Dis Child Educ Pract Ed.* 2013;98(6):236–8. DOI:10.1136/archdischild-2013-304340
30. De Silva P.Y., Ganegoda G.U. New Trends of Digital Data Storage in DNA. *BioMed Research International.* 2016;2016: 8072463. DOI:10.1155/2016/8072463
31. Yu M., Tang X., Li Z., Wang W., Wang S., Li M., et al. High-throughput DNA synthesis for data storage. *Chem Soc Rev.* 2024;53(9):4463–4489. DOI:10.1039/d3cs00469d. EDN:PVWNBH
32. Buko T., Tuczko N., Ishikawa T. DNA Data Storage. *BioTech.* 2023;12(2):44. DOI:10.3390/biotech12020044. EDN:CEVLJG
33. Sun C., Li H., Liu Y., Li Y., Gao R., Shi X., et al. Iterative recombinase technologies for efficient and precise genome engineering across kilobase to megabase scales. *Cell.* 2025;188(17):4693–4710.e15. DOI:10.1016/j.cell.2025.07.011. EDN:HHDLUS
34. Kirichek R., Pirmagomedov R., Glushakov R., Koucheryavy A. Live substance in cyberspace – Biodriver system. *Proceedings of the 18th International Conference on Advanced Communication Technology, ICACT, 31 January 2016 – 03 February 2016, PyeongChang, Korea (South).* IEEE; 2016. DOI:10.1109/ICAICT.2016.7423357

35. Yang X., Shi X., Lai L., Chen C., Xu H., Deng M. Towards long double-stranded chains and robust DNA-based data storage using the random code system. *Front Genet.* 2023;14:1179867. DOI:10.3389/fgene.2023.1179867. EDN:AJZWOI
36. Yazdi S.M., Yuan Y., Ma J., Zhao H., Milenkovic O. A Rewritable, Random-Access DNA-Based Storage System. *Scientific Reports.* 2015;5:14138. DOI:10.1038/srep14138
37. Cao B., Wang B., Zhang Q. GCNSA: DNA storage encoding with a graph convolutional network and self-attention. *iScience.* 2023;26(3):106231. DOI:10.1016/j.isci.2023.106231
38. Anavy L., Vaknin I., Atar O., Amit R., Yakhini Z. Improved DNA based storage capacity and fidelity using composite DNA letters. *bioRxiv.* 2018. DOI:10.1101/433524
39. Xie R., Zan X., Chu L., Su Y., Xu P., Liu W. Study of the error correction capability of multiple sequence alignment algorithm (MAFFT) in DNA storage. *BMC Bioinformatics.* 2023;24(1):111. DOI:10.1186/s12859-023-05237-9. EDN:ZYZHRQ
40. Antkowiak P.L., Koch J., Nguyen B.H., Stark W.J., Strauss K., Ceze L., et al. Integrating DNA Encapsulates and Digital Microfluidics for Automated Data Storage in DNA. *Small.* 2022;18(15):e2107381. DOI:10.1002/smll.202107381. EDN:UWLNUK
41. Alsaffar M.M., Hasan M., McStay G.P., Sedky M. Digital DNA lifecycle security and privacy: an overview. *Briefings in Bioinformatics.* 2022;23(2):bbab607. DOI:10.1093/bib/bbab607. EDN:OAGOKB
42. Li K., Lu X., Liao J., Chen H., Lin W., et al. DNA-DISK: Automated end-to-end data storage via enzymatic single-nucleotide DNA synthesis and sequencing on digital microfluidics. *PNAS.* 2024;121(34):e2410164121. DOI:10.1073/pnas.2410164121

Статья поступила в редакцию 21.03.2026; одобрена после рецензирования 23.04.2026; принята к публикации 07.05.2026.

The article was submitted 21.03.2026; approved after reviewing 23.04.2026; accepted for publication 07.05.2026.

Информация об авторах:

АДОНИН
Леонид Сергеевич

кандидат биологических наук, заведующий кафедрой конструирования и производства радиоэлектронных средств Санкт-Петербургского государственного университета телекоммуникаций им. проф. М.А. Бонч-Бруевича
 <https://orcid.org/0000-0003-1563-4615>

ВОЛЧИК
Олеся Владимировна

кандидат экономических наук, доцент кафедры экономики данных Санкт-Петербургского государственного университета телекоммуникаций им. проф. М.А. Бонч-Бруевича
 <https://orcid.org/0009-0002-1165-3958>

Авторы сообщают об отсутствии конфликтов интересов.

The authors declare no conflicts of interests.