

БИОКОМПЬЮТЕР CL1: КАК ИСКУССТВЕННЫЙ МОЗГ ИЗ СТВОЛОВЫХ КЛЕТОК МЕНЯЕТ ПАРАДИГМУ ВЫЧИСЛЕНИЙ И БУДУЩЕЕ ЦИФРОВОГО ОБЩЕСТВА

К. Р. Хайдаршин, А. А. Харлова

Статья представлена научным руководителем – к. т. н., доц. Белой Т. И.

В статье рассматриваются перспективы биологических вычислений как альтернативы кремниевой электронике, развитие гибридных биокомпьютеров с фокусом на платформе CL1 компании Cortical Labs, где человеческие нейроны, выращенные из стволовых клеток, интегрированы с электродной матрицей на чипе. Описываются методы поддержания живой среды, двусторонняя коммуникация, обучение нейронов в игровых задачах, а также перспективы нейроморфных ИИ и вызовы биоэтики, надежности и энергоэффективности.

Ключевые слова: биокомпьютер, гибридные системы, нейронные культуры, мозг-на-чипе, биоэтика, энергоэффективность.

Вычислительная техника за последние десятилетия достигла огромного прогресса. Дальнейшее развитие кремниевых схем сталкивается с фундаментальными ограничениями: миниатюризацией транзисторов, приближающейся к физическим пределам; ростом тепловых потерь и энергозатрат; масштабированностью архитектур. В результате, возрастает интерес к направлениям, выходящим за пределы классических электронных схем. В силу целого ряда причин появляется новая концепция — использование биологических или биохимических процессов как вычислительной среды, то есть так называемые биокомпьютеры или «мокрые компьютеры» (*«wetware» computers*).

В отличие от классических электронных компьютеров, где вычисления осуществляются посредством электрических сигналов, транзисторов и цифровой логики, биокомпьютеры есть **объединение** биологии, химии, биоинженерии и информатики, открывающее принципиально новые архитектуры обработки данных — с высокой степенью параллелизма, самовосстановлением, адаптацией и крайне высокой плотностью хранения информации, опирающееся на биохимические взаимодействия, молекулярные

гибридизации, ферментативные реакции, клеточную сеть или нейронные связи. Например, в системах на основе ДНК вычисление может производиться посредством гибридизации цепочек, ингибирования ферментов, самоассамблеи, что позволяет реализовать логические операции и алгоритмические конструкции.

Основным преимуществом систем является массовый параллелизм: в растворе миллиарды молекул, ферментов, в тканях — целых клеток, обладающих высокой плотностью информации и низким электропотреблением, которые могут взаимодействовать между собой одновременно, что позволяет решать комбинаторные задачи гораздо быстрее, чем серийный цифровой процессор [5]. Примером является ранний эксперимент *Leonard Adleman* (1994 г.), где была продемонстрирована ДНК-реализация задачи о гамильтоновом пути (*Hamiltonian Path Problem*) [1].

Существующие исследования по теме можно разделить на несколько ключевых направлений: ДНК-компьютеры, белковые и клеточные вычисления, гибридные системы (биоэлектронные интерфейсы), нанобиомолекулярные сети и самоорганизующиеся структуры.

ДНК-компьютеры – это вычислительные системы, которые используют биологические молекулы ДНК, РНК и ферменты для хранения и обработки данных. Они действуют в водной среде в пробирке. В основе их работы лежит химическая реакция – комплементарное связывание нуклеотидов (Аденин с Тимином и Гуанин с Цитозином). В ДНК-компьютерах сама молекула ДНК выступает одновременно и в роли носителя памяти, и в роли программного обеспечения, при этом плотность хранения информации в теории достигает 10^{18} бит на см^3 [7].

В контексте белковых и клеточных вычислений в качестве вычислительных элементов выступают белки-регуляторы, ферменты или целые живые клетки, и, в отличие от ДНК-компьютеров, которые полагаются на комплементарное связывание нуклеотидов, белковые и клеточные системы способны обрабатывать сигналы, выполнять логические операции и генерировать выходные **биомолекулы**, имитируя принципы работы живых биологических сетей [2].

Нанобиомолекулярные сети и самоорганизующиеся структуры – это передовое направление молекулярных вычислений, в котором вычисления выполняются за счет сложной динамики самоорганизующихся физических систем на основе молекул ДНК или ферментов. Базовой технологией в этом направлении выступают резервуарные вычисления, а для их эффективной настройки применяется направленная эволюция топологий биомолекулярных сетей, осуществляемая прямо в материальном слое [6].

Однако наибольшего прогресса на текущий момент достигли гибридные схемы.

Под гибридными схемами понимается интеграция живых биологических тканей, например, нейронных культур, с электронными компонентами, что позволяет им обмениваться данными с цифровыми устройствами. Данные схемы лежат в основе разработки «живых

сенсоров», интерфейсов мозг–машина и новых вычислительных архитектур.

Работа над интерфейсами мозг–машина тесно связана с развитием всей области в целом. Компании *Neuralink* и *Synchron* разрабатывают высокоплотные имплантаты для интеграции с живым мозгом, решая схожие задачи записи и стимуляции нейронной активности [4]. Эти усилия в медицинской сфере закладывают технологический фундамент для будущих гибридных систем, создавая мост между цифровым миром и биологической тканью.

Пионерами в создании гибридных схем на основе нейронов выступают стартапы вроде *Koniku*, разрабатывающие био-гибридные чипы для распознавания запахов; и *FinalSpark*, предлагающие удаленный доступ к нейронным культурам для исследований.

Одним из наиболее ярких достижений направления стал *CL1*, гибридный биокомпьютер компании *Cortical Labs*, объединяющий человеческие нейроны, выращенные из стволовых клеток, с электронным чипом [3].

В основе такой системы лежит в первую очередь производство нейронов. Для решения этой задачи используются индуцированные плюрипотентные стволовые клетки человека (*Induced Pluripotent Stem Cells, iPSC*), то есть зрелые клетки, например, фибробласты кожи или клетки крови, в которые ввели определенный набор белков для их перевода в эмбриональное состояние. Полученные клетки дифференцируют в моторные, сенсорные или кортикальные нейроны.

Биологическая часть поддерживается питательными растворами из глюкозы, аминокислот, антиоксидантов и витаминов и системой контроля параметров среды; размещается на многоканальной электродной матрице (*Multielectrode Array, MEA*). В выросшей поверх *MEA* сети аксоны и дендриты пересекаются с электродами, которые теперь могут регистрировать всплески

активности нейронов или стимулировать их, что позволяет запустить цикл обучения с подкреплением (*Reinforcement Learning, RL*).

Другими словами, электроника обеспечивает управление и сбор данных, а внешнее программное обеспечение – анализ сигналов и обратную связь. Таким образом, *CL1* представляет собой «мозг-на-чипе», где электронная и биологическая составляющие функционируют как единая вычислительная система.

В лабораторных экспериментах нейроны *CL1* обучались реагировать на внешние сигналы — например, в ранней версии системы нейроны смогли «научиться» играть в простую видеоигру *Pong*, адаптируясь к стимулам и вырабатывая устойчивые паттерны активности. Это показало способность нейронной сети к обучению через обратную связь, что является фундаментальным отличием от жестко детерминированных кремниевых логических схем.

Передача сигналов в данной гибридной схеме (рис. 1) организована как замкнутый цикл между симулированной компьютерной средой и биологической культурой нейронов, выращенных на чипе. Этот цикл состоит из двух ключевых каналов: прямого и обратного.

Прямой канал передает данные из внешней среды нейронам. Симулированная компьютерная среда генерирует текущие внешние состояния – например, координаты мяча и положение ракетки в игре. Эти дискретные параметры преобразуются в паттерны электрических стимулов, которые через микроэлектроды чипа подаются на живую нейронную сеть. Нейроны воспринимают эти стимулы как афферентные сигналы, вызывая деполяризацию мембран и генерацию потенциалов действия. Так внешние события кодируются в нейронную активность, формируя внутренние состояния сети.



Рис. 1. Архитектура замкнутой гибридной системы биокомпьютера *CL1*.

Спонтанная и целенаправленно вызванная активность нейронов непре-

рывно регистрируется теми же микроэлектродными – включается режим запи-

си. Амплитудно-временные паттерны спайков, коротких и сильных электрических импульсов, оцифровываются и декодируются в управляющие команды — например, движение ракетки влево или вправо. Этот сигнал подается обратно в симуляцию как выходной сигнал, изменяя внешние состояния среды через так называемый обратный канал. Одновременно система оценивает степень предсказуемости следующей стимуляции: если действие нейронов привело к упорядоченному ходу игры — возникает положительная обратная связь; если к хаосу — отрицательная.

Ключевой механизм адаптации системы — принцип свободной энергии. Нейроны пластически перестраивают свою активность в реальном времени, чтобы минимизировать ошибку предсказания между ожидаемой и реальной стимуляцией. Таким образом, биологическая сеть обучается играть целенаправленно без внешнего алгоритма — исключительно за счёт замкнутого контура из стимула, внутреннего состояния и действия. Это демонстрирует вычислительную парадигму, где живая материя выступает аналоговым процессором, подчиняющимся тем же принципам минимизации свободной энергии, что и биологический мозг.

Биокомпьютеры типа *CL1* могут стать аппаратной основой для нейроморфных ИИ-систем, способных к обучению без традиционных цифровых сетей. Их живая природа обеспечивает свойства обобщения и непредсказуемого

творчества, которые трудно реализовать в программном коде.

В долгосрочной перспективе *CL1* может привести к появлению гибридных дата-центров, где часть вычислений выполняется живыми нейронными узлами. Это позволит снизить энергозатраты и расширить адаптивность систем в реальном времени.

Однако, несмотря на все перспективы и преимущества использование живых тканей, клеток или нейронных сетей вызывает вопросы биоэтики, надежности, воспроизводимости и безопасности. Живые клетки требуют постоянных условий и имеют ограниченный жизненный цикл. Долговременная эксплуатация таких систем остается сложной задачей.

Вплоть до 2024 года понимание нутритивной поддержки головного мозга базировалось на экстраполяции общих биохимических знаний, а не на детализированных данных о его уникальных и динамичных метаболических потребностях. Парадигма биологических вычислений бросает вызов не только инженерной мысли, но и самим основам нашего самопонимания.

Цифровое общество вынуждено выйти за рамки обсуждения данных и алгоритмов и вступить в эру нейрофилософии, где от ответов на вопросы о сути мышления и этических границах его модификации будет напрямую зависеть траектория технологического и цивилизационного развития.

Список источников и литературы

1. *Adleman L. M.* Molecular computation of solutions to combinatorial problems // *Science*. – 1994. – Vol. 266, No. 5187. – P. 1021–1024. – DOI: 10.1126/science.7973651.
2. *Hu Y.* Intelligent molecular logic computing toolkits: nucleic acid-based construction, functionality, and enhanced biosensing applications / Y. Hu, J. Zhang, K. Shen, W. Shen, H. K. Lee, S. Tang // *Chemical Science*. – 2025. – Vol. 16, Issue 43. – P. 20139–20180. – DOI: 10.1039/d5sc06176h.
3. *Kagan B. J.* The CL1 as a platform technology to leverage biological neural system functions // *Nat Rev Bioeng*. – 2025. – Vol. 3. – P. 724–725. – DOI: 10.1038/s44222-025-00340-3.
4. *Lavazza A.* Neuralink's brain-computer interfaces: medical innovations and ethical challenges // *Frontiers in Human Dynamics*. – 2025. – Vol. 3. – Article 1553905. – DOI: 10.3389/fhumd.2025.1553905.

5. Organoid intelligence (OI): the new frontier in biocomputing and intelligence-in-a-dish / L. Smirnova, B. S. Caffo, D. H. Gracias, Q. Huang, I. E. Morales Pantoja, B. Tang, D. J. Zack, C. A. Berlinicke, J. L. Boyd, T. D. Harris, E. C. Johnson, B. J. Kagan, J. Kahn, A. R. Muotri, B. L. Paulhamus, J. C. Schwamborn, J. Plotkin, A. S. Szalay, J. T. Vogelstein, P. F. Worley, T. Hartung // *Frontiers in Science*. – 2023. – Vol. 1. – Article 1017235. – DOI: 10.3389/fsci.2023.1017235.

6. *Steinkühler J.* Directed evolution effectively selects for DNA based physical reservoir computing networks capable of multiple tasks / J. Steinkühler, T. Pandey // *arXiv*. – 2025. – URL: <https://arxiv.org/pdf/2509.04000> (дата обращения: 03.05.2026).

7. *Yang S.* DNA as a universal chemical substrate for computing and data storage / S. Yang, B. W. A. Bögels, F. Wang, C. Xu, H. Dou, S. Mann, C. Fan, T. F. A. de Greef // *Nature Reviews Chemistry*. – 2024. – Vol. 8, Issue 3. – P. 179–194. – DOI: 10.1038/s41570-024-00576-4.

Хайдаршин Константин Радимович – студент, группа ИКПИ-23, Санкт-Петербургский государственный университет телекоммуникаций им. проф. М. А. Бонч-Бруевича, (г. Санкт-Петербург, Россия), kosthaydarshin@gmail.ru.

Харлова Алёна Александровна – студент, группа ИКПИ-23, Санкт-Петербургский государственный университет телекоммуникаций им. проф. М. А. Бонч-Бруевича, (г. Санкт-Петербург, Россия), khrlw@gmail.com

Белая Татьяна Иоановна – научный руководитель – к. т. н., доцент, доцент кафедры программной инженерии и вычислительной техники, Санкт-Петербургский государственный университет телекоммуникаций им. проф. М. А. Бонч-Бруевича, (г. Санкт-Петербург, Россия), belaya.ti@sut.ru

CL1 BIOCOMPUTER: HOW ARTIFICIAL BRAIN FROM STEM CELLS IS CHANGING THE COMPUTING PARADIGM AND THE FUTURE OF DIGITAL SOCIETY

K. R. Khaidarshin, A. A. Kharlova

The article is presented by the scientific supervisor – Candidate of Technical Sciences, Associate professor. Belaya T. I.

The article discusses the prospects of biological computing as an alternative to silicon electronics. development of hybrid biocomputers with a focus on the company's CL1 platform Cortical Labs, where human neurons grown from stem cells are integrated with an electrode matrix on a chip. It describes methods for maintaining a living environment, two-way communication, training neurons in game tasks, as well as the prospects for neuromorphic AI and the challenges of bioethics, reliability and energy efficiency.

Keywords: biocomputer, hybrid systems, neural cultures, brain-on-a-chip, bioethics, energy efficiency.

References

1. *Adleman L. M.* Molecular computation of solutions to combinatorial problems // *Science*. – 1994. – Vol. 266, No. 5187. – P. 1021–1024. – DOI: 10.1126/science.7973651.

2. *Hu Y.* Intelligent molecular logic computing toolkits: nucleic acid-based construction, functionality, and enhanced biosensing applications / Y. Hu, J. Zhang, K. Shen, W. Shen, H. K. Lee, S. Tang // *Chemical Science*. – 2025. – Vol. 16, Issue 43. – P. 20139-20180. – DOI: 10.1039/d5sc06176h.

3. *Kagan B. J.* The CL1 as a platform technology to leverage biological neural system functions // *Nat Rev Bioeng*. – 2025. – Vol. 3. – P. 724-725. – DOI: 10.1038/s44222-025-00340-3.

4. *Lavazza A.* Neuralink's brain-computer interfaces: medical innovations and ethical challenges // *Frontiers in Human Dynamics*. – 2025. – Vol. 3. – Article 1553905. – DOI: 10.3389/fhumd.2025.1553905.

5. Organoid intelligence (OI): the new frontier in biocomputing and intelligence-in-a-dish / L. Smirnova, B. S. Caffo, D. H. Gracias, Q. Huang, I. E. Morales Pantoja, B. Tang, D. J. Zack, C. A. Berlinicke, J. L. Boyd, T. D. Harris, E. C. Johnson, B. J. Kagan, J. Kahn, A. R. Muotri, B. L. Paulhamus, J. C. Schwamborn, J. Plotkin, A. S. Szalay, J. T. Vogelstein, P. F. Worley, T. Hartung // *Frontiers in Science*. – 2023. – Vol. 1. – Article 1017235. – DOI: 10.3389/fsci.2023.1017235.

6. *Steinkühler J.* Directed evolution effectively selects for DNA based physical reservoir computing networks capable of multiple tasks / J. Steinkühler, T. Pandey // *arXiv*. – 2025. – URL: <https://arxiv.org/pdf/2509.04000> (last request: 03.05.2026).

7. *Yang S.* DNA as a universal chemical substrate for computing and data storage / S. Yang, B. W. A. Bögers, F. Wang, C. Xu, H. Dou, S. Mann, C. Fan, T. F. A. de Greef // *Nature Reviews Chemistry*. – 2024. – Vol. 8, Issue 3. – P. 179-194. – DOI: 10.1038/s41570-024-00576-4.

Khaidarshin Konstantin Radimovich – student, IKPI-23 group, The Bonch-Bruевич Saint Petersburg State University of Telecommunications, (St. Petersburg, Russia), kosthaydarshin@gmail.ru.

Harlova Alyona Aleksandrovna – student, IKPI-23 group, The Bonch-Bruевич Saint Petersburg State University of Telecommunications, (St. Petersburg, Russia), khrlw@gmail.com

Belaya Tatiana Ioanovna – scientific supervisor – Candidate of Technical Sciences, Associate Professor, Associate Professor of the Department of Software Engineering and Computer Engineering, The Bonch-Bruевич Saint Petersburg State University of Telecommunications, (St. Petersburg, Russia), belaya.ti@sut.ru

Статья поступила в редакцию: 17.05.2026; принята к публикации: 30.05.2026

ДЛЯ ЦИТИРОВАНИЯ:

Хайдаршин К. Р., Харлова А. А. Биокomпьютер CL1: как искусственный мозг из стволовых клеток меняет парадигму вычислений и будущее цифрового общества // *Социогуманитарные коммуникации*. – 2026. – № 2(16). – С. 189-194.

FOR CITATION:

Khaidarshin K. R., Kharlova. A. A. Biokomp'yuter CL1: kak iskusstvennyy mozg iz stvolovykh kletok menyaet paradigmu vychisleniy i budushchee tsifrovogo obshchestva [CL1 biocomputer: how artificial brain from stem cells is changing the computing paradigm and the future of digital society] // *Sociogumanitarnye kommunikacii* [Social and humanitarian communications]. 2026. № 2(16). P. 189-194.