

Ménage 问题的一种粘贴 DNA 算法

杨玉星^{1,3}, 王世英²

(1. 安阳师范学院计算机与信息工程学院, 河南安阳 455000; 2. 山西大学数学科学学院, 山西太原 030006;
3. 山西大学计算机与信息技术学院, 山西太原 030006)

摘 要: 解决图论与排列组合难题是 DNA 计算领域的研究目标之一. 为了使用分子生物方法解决 Ménage 问题, 本文给出了 Ménage 问题的数学模型; 并对解决该问题的难点进行了分析, 提出一种解决方案, 改进了该问题的数学模型; 提出一种解决 Ménage 问题的粘贴 DNA 算法并简要分析了该算法的复杂度. 为了提高效率, 引入广义分离和广义多级分离操作; 通过一个实例给出了实验操作步骤, 对实验进行了模拟.

关键词: DNA 计算; 圆周排列; Ménage 问题; 粘贴模型

中图分类号: TP18 **文献标识码:** A **文章编号:** 0372-2112 (2012) 04-0751-05

电子学报 URL: <http://www.ejournal.org.cn> **DOI:** 10.3969/j.issn.0372-2112.2012.04.021

A DNA Sticker Algorithm for the Ménage Problem

YANG Yu-xing^{1,3}, WANG Shi-ying²

(1. School of Computer and Information Engineering, Anyang Normal University, Anyang, Henan 455000, China;

2. School of Mathematical Sciences, Shanxi University, Taiyuan, Shanxi 030006, China;

3. School of Computer and Information Technology, Shanxi University, Taiyuan, Shanxi 030006, China)

Abstract: The traditional trend of DNA computing aims at solving computationally intractable problems in the field of graph theory and permutation and combination. For the objective to solve the Ménage problem with biological operations, this paper gave a mathematical model and analyzed the difficulties of solving the problem with DNA computation. An improved mathematical model of the Ménage Problem to overcome these difficulties was proposed. In order to improve the efficiency, using the extended separation and extended multi-separation operation, this paper proposed a sticker DNA algorithm of the Ménage problem and analyzed the complexity of the algorithm. Consequently, it showed the operation steps and carried out simulation experiments by an instance.

Key words: DNA computing; circle permutation; Ménage problem; sticker model

1 引言

1994 年 Adleman^[1]教授用生物操作解决一个具有七个节点的有向图的哈密尔顿路径问题, 开创了 DNA 计算的先河. 由于 DNA 计算具有并行性高, 信息存储能力强, 能耗低等优点, 有关 DNA 计算的研究在许多国家迅速展开.

目前, 已有不少 DNA 计算模型被相继提出, 如: Adleman-Lipton 模型^[1,2] (Adleman-Lipton model), 限制酶模型^[3] (restriction enzyme model), 粘贴模型^[4] (sticker model), 表面模型^[5] (surface-based model), 自装备模型^[6] (self-assembly model) 和发夹模型^[7] (hairpin model) 等. 基于以上模型, 研究者们提出了若干难题的 DNA 算法^[8~16]. 为更好地展示 DNA 计算的能力, 探索其他难题的 DNA 算法是不无裨益的.

Ménage 问题 (the Ménage problem)^[17] 是由法国著名数学家 Lucas 首次提出的一个有趣的排列组合问题. 用传统方法解决该问题 (求出所有的就座方案) 将会出现“组合爆炸”问题. 基于粘贴 DNA 模型的巨大并行性和多级分离技术的优越性, 本文提出了该问题的一种 DNA 算法, 该算法具有线性的操作复杂度. 我们先来介绍粘贴模型及相关技术.

2 粘贴模型

2.1 粘贴模型的基本操作

粘贴模型是 DNA 计算的主要模型之一. 粘贴模型通常以双链 DNA 分子表示“1”, 单链 DNA 分子表示“0”; 也可以规定某些单链 DNA 分子表示“1”. 另一些单链 DNA 分子表示“0”. 粘贴模型有四种基本操作^[3], 本文仅重述将要用到的两种.

合并(Merge):定义存储合成物的集合 T_1 与 T_2 的合并为 T , 则, $T = T_1 \cup T_2$.

分离(Separate):根据存储合成物中第 i 个位元的状态将存储合成物的集合 T 分解为两个集合: $+(T, i)$ 和 $-(T, i)$, 其中 $+(T, i)$ 为该位元为“1”的 DNA 分子的集合, $-(T, i)$ 为该位元为“0”的 DNA 分子的集合.

粘贴模型中,一步“分离”操作只能根据某一位元的状态分离 DNA 分子,效率低下.为此,文献[14]提出了多级分离技术.然而,无论是“分离”还是“多级分离”都只能按照位元是单链还是双链分离 DNA 分子,不能根据是否包含某些 DNA 链将 DNA 分子区分开来.本文引入广义分离和广义多级分离解决这一问题.

2.2 广义分离和广义多级分离

广义的分离(Extended Separate, E-Separate):根据存储混合物中的 DNA 分子是否包含子链 x_i , 将存储合成物的集合 T 分解为两个集合: $+(T, x_i)$ 和 $-(T, x_i)$, 其中, $+(T, x_i)$ 表示包含位元 x_i 的 DNA 分子的集合, $-(T, x_i)$ 表示不含位元 x_i 的 DNA 分子的集合.

广义的多级分离(Extended Multi-Separate, EM-Separate):根据存储混合物中的 DNA 分子是否包含子链 $x_1, x_2, \dots, x_n$ 将存储合成物的集合 T 分解为两个集合: $+(T, x_1, x_2, \dots, x_n)$ 和 $-(T, x_1, x_2, \dots, x_n)$; 其中 $+(T, x_1, x_2, \dots, x_n)$ 表示至少包含一个 $x_i (i = 1, 2, \dots, n)$ 的位串的集合, $-(T, x_1, x_2, \dots, x_n)$ 表示不包含任何 $x_i (i = 1, 2, \dots, n)$ 的位串的集合.

为便于表示,令:

$$\bigcap_{i=1}^n T_{x_i} = x_1, x_2, \dots, x_n$$

上述两种操作都可以使用文献[14]中介绍的多级分离装置实现.

下面,我们使用基于粘贴模型的这些操作求解 Ménage 问题.

3 Ménage 问题的 DNA 算法

3.1 问题的描述

Ménage 问题可以如此描述: n 对夫妻围绕有 $2n$ 个已编号的座位的圆桌而坐,要求男女相间,而且任意一对夫妻不可相邻,问:有哪些就座方法?

这里,我们认为顺时针或逆时针旋转 i 个座位后相同的就座方法为同一种方法,其中, $i \in \{x | 1 \leq x \leq 2n \text{ 且 } x \text{ 为整数}\}$.

3.2 数学模型

Ménage 问题的数学模型是:设集合 $M = \{m_1, m_2, \dots, m_{2n}\}$, (m_{2i-1} 和 m_{2i} 表示一对夫妻,这里, $i = 1, 2, \dots, n$), 求集合 M 的元素的排列中诸如 $m_{k_1}, m_{k_2}, \dots, m_{k_{2n}}$ 的

排列方式,使得:

- (1) $\forall i (i \in \{1, 2, \dots, 2n\} \Rightarrow k_i \in \{1, 2, \dots, 2n\})$;
- (2) $\forall i \forall j (i, j \in \{1, 2, \dots, 2n\} \wedge i \neq j \Rightarrow k_i \neq k_j)$;
- (3) $\forall i (i \in \{1, 2, \dots, 2n-1\} \Rightarrow |k_i - k_{i+1}| \bmod 2 \neq 0)$, 且 $|k_i - k_{2n}| \bmod 2 \neq 0$;
- (4) $\forall i (i \in \{1, 2, \dots, 2n-1\} \wedge k_i \bmod 2 = 1 \Rightarrow k_{i+1} - k_i \neq 1)$;
- (5) $\forall i (i \in \{1, 2, \dots, 2n-1\} \wedge k_i \bmod 2 = 0 \Rightarrow k_i - k_{i+1} \neq 1)$;
- (6) $k_1 \bmod 2 = 0 \Rightarrow k_1 - k_{2n} \neq 1$;
- (7) $k_1 \bmod 2 = 1 \Rightarrow k_{2n} - k_1 \neq 1$.

以上七个条件中,条件(1)、(2)保证所有的夫妻都已就座;条件(3)保证相邻的两个元素表示的不是同性(因为就座于圆桌周围,所以第一个元素和最后一个元素表示的也不是同性);条件(4)~(7)保证相邻的两个元素表示的不是夫妻(第一个元素和最后一个元素所表示的也不是夫妻).

3.3 难点及解决方案

难点一:由于我们要处理的问题是一个圆周问题,而 DNA 单链和双链都是链状结构,如何对圆周问题进行线性编码?

对于这一难点,可以通过将原问题转化为上述的数学模型加以解决.上述数学模型将围绕圆桌就座的问题转化为满足一定条件的线性排列问题.所以,可以很容易地使用呈线性结构的单链 DNA 或呈双螺旋结构的 DNA 双链进行编码.

难点二:在转化为线性编码时,代表链首和链尾的两个人在还原成圆周后是相邻的两个人,所以这二人不能是夫妻,也不能是同性.如果直接对上述数学模型进行编码的话,针对人数不同的情况,算法是不同的,所需要的生化实验步骤也非常繁琐,如何编码才能够找出解决 Ménage 问题的通用 DNA 算法,并减少生化实验操作步骤呢?

第二个难点可以通过编码时增加一个与链首相同的位元的方式来解决.即,在排列时使首尾元素相同.

另外,由于通过旋转可以转变为同一种排列方式的方案认为是一种就座方案,所以 3.2 节所描述的数学模型可能会产生重解,基于这两点考虑,3.2 节所述的数学模型可改进如下.

3.4 改进的数学模型

改进后的数学模型如下:

设集合 $M = \{m_1, m_2, \dots, m_{2n}\}$, 求集合 M 的元素的排列中诸如 $m_{k_1} m_{k_2} \dots m_{k_{2n}} m_{k_{2n+1}}$ ($k_1 = k_{2n+1}$) 的排列方式,使得:

- (1) $\forall i (i \in \{1, 2, \dots, 2n\} \Rightarrow k_i \in \{1, 2, \dots, 2n\})$;

- (2) $\forall i \forall j (i, j \in \{1, 2, \dots, 2n\} \wedge i \neq j \Rightarrow k_i \neq k_j)$;
- (3) $\forall i (i \in \{1, 2, \dots, 2n\} \Rightarrow |k_i - k_{i+1}| \bmod 2 \neq 0)$;
- (4) $\forall i (i \in \{1, 2, \dots, 2n\} \wedge k_i \bmod 2 = 1 \Rightarrow k_{i+1} - k_i \neq 1)$;
- (5) $\forall i (i \in \{1, 2, \dots, 2n\} \wedge k_i \bmod 2 = 0 \Rightarrow k_i - k_{i+1} \neq 1)$.

在上述模型的排列中,增加了一个元素,即在尾部增加了一个和链首相同的元素,使得原来的首尾在转化为线性排列后也是相邻的,这有助于算法的通用性和实验操作的简洁性.

值得注意的是,由于通过旋转可以转变为同一种排列方式的方案认为是一种就座方案,我们可以通过固定链首和的方式来避免重解,即,固定 m_{k_1} 为集合 M 的任意一个元素,不妨令 $m_{k_1} = m_1$.

下面,我们给出解决 Ménage 问题的一种 DNA 算法.

3.5 问题的算法

Ménage 问题的 DNA 算法可描述如下:

步骤 1 用 DNA 分子对 M 中的各个元素编码,生成初始数据池 T_0 .

采用文献[18]的编码方法对集合 M 中的每个元素编码.每个元素的 DNA 编码长度为 m 个碱基,元素 m_i 的 DNA 编码记为 X_i ,加入引物,在连接酶的作用下,各个元素的 DNA 编码将连接起来.

因为通过旋转后可以转变为同一种排列方式的方案被认为是一种就座方案,所以我们只需对以其中任意一个元素的编码为第一个位元(同时也是最后一个位元)的 DNA 单链进行扩充,这里,不妨选定 m_1 的编码为第一个位元.加入引物,通过聚合酶连接反应(Polymerase Chain Reaction, PCR)仅扩充以 X_1 为首、尾位元的 DNA 分子链,生成初始数据池 T_0 .

步骤 2 删除长度不为 $m * (2n + 1)$ 个碱基的 DNA 分子.

长度不为 $m * (2n + 1)$ 个碱基的 DNA 分子表示至少有一个元素未参与排列或排列的首尾不同,根据编码规则可知,这样的 DNA 链代表非正常的排列方案,需要删除.

使用凝胶电泳技术按长度分离出长为 $m * (2n + 1)$ 个碱基的 DNA 分子,以这些 DNA 分子作为新的数据池,仍记为 T_0 ;这样得到的 DNA 分子包含 $2n + 1$ 个元素,而且以 X_1 为首、尾位元.

步骤 3 删除包含重复位元(除首、尾位元外)的 DNA 分子链.

在步骤 2 中得到的 DNA 分子链均包含 $2n + 1$ 个元素(X_1 包含在内,且被计算两次),只要不包含 $X_2, X_3, \dots, X_{2n}$ 中的任一位元,该 DNA 分子链就有除 X_1 之外的重复位元.

这一步骤可以使用广义分离实现,实现方法可表示如下:

```
for (i = 2; i <= 2n; i++)
{
    E-Separate + (T0, Xi) and - (T0, Xi);
    T0 = + (T0, Xi);
}
```

经过上述操作后,试管 T_0 中的 DNA 分子链即为以 X_1 为首、尾位元,包含其它位元一次且仅一次的 DNA 分子链.

步骤 4 删除包含“同性相邻”这一情况的 DNA 分子链.

这一步骤可以使用广义的多级分离实现如下:

```
EM-Separate + (T0, Ti=12n-2 Xi Xi+2, Ti=12n-2 Xi+2 Xi) and
- (T0, Ti=12n-2 Xi Xi+2, Ti=12n-2 Xi+2 Xi);
```

步骤 5 删除包含“夫妻相邻”这一情况的 DNA 分子链.

这一步骤也可使用广义的多级分离实现如下:

```
EM-Separate + (T0, Ti=1n X2i-1 X2i, Ti=1n X2i X2i-1) and
- (T0, Ti=1n X2i-1 X2i, Ti=1n X2i X2i-1).
```

在上述算法中,所需要的广义的分离操作步骤数为 $2n - 1$,所需要的广义的多级分离操作的步骤数为 2,即该算法拥有线性的操作复杂度.在生成初始数据池 T_0 时,仅仅对以 X_1 为首位元和尾位元的 DNA 分子链进行了 PCR 扩充,因此,需要的 DNA 链数为 $O((2n)!)$.

下面,我们将结合实例,给出 Ménage 问题的 DNA 算法的具体实验操作过程.

4 实例

4.1 实例描述

3 对夫妻围绕一个有 6 个凳子的圆桌而坐,有哪些不同的就座方式(旋转后相同的就座方式视为一种就座方式)?

4.2 问题转化

原问题的数学模型如下:

设集合 $M = \{m_1, m_2, m_3, m_4, m_5, m_6\}$ 的元素的排列中诸如 $m_{k_1} m_{k_2} m_{k_3} m_{k_4} m_{k_5} m_{k_6} m_{k_7}$ ($k_1 = k_7$) 的排列方式,使得:

- (1) $\forall i (i \in \{1, 2, \dots, 6\} \Rightarrow k_i \in \{1, 2, \dots, 6\})$;
- (2) $\forall i \forall j (i, j \in \{1, 2, \dots, 6\} \wedge i \neq j \Rightarrow k_i \neq k_j)$;
- (3) $\forall i (i \in \{1, 2, \dots, 6\} \Rightarrow |k_i - k_{i+1}| \bmod 2 \neq 0)$;
- (4) $\forall i (i \in \{1, 2, \dots, 6\} \wedge k_i \bmod 2 = 1 \Rightarrow k_{i+1} - k_i \neq 1)$;
- (5) $\forall i (i \in \{1, 2, \dots, 6\} \wedge k_i \bmod 2 = 0 \Rightarrow k_i - k_{i+1} \neq 1)$.

4.3 算法步骤

求解当 $n = 3$ 时的 Ménage 问题的 DNA 算法及相应的生化试验操作如下:

步骤 1 对 M 中的各个元素进行 DNA 编码,生成初始数据池 T_0 .

首先,对 M 的每个元素进行 DNA 编码.每个元素采用长度为 10 个碱基的 DNA 单链编码,记 $m_1, m_2, m_3, m_4, m_5, m_6$ 的编码分别为 $X_1, X_2, X_3, X_4, X_5, X_6$,本文采用的编码如下:

$X_1 = 5'-CTGACAGGGA-3'$

$X_2 = 5'-CCCTCTTGTA-3'$

$X_3 = 5'-TAGCAGCAGT-3'$

$X_4 = 5'-TGTGCATTG-3'$

$X_5 = 5'-TTGCCACTCA-3'$

$X_6 = 5'-TAGCCTTCCG-3'$

然后,对上述编码进行 PCR 扩充,并通过生化技术,使其在适当的引物和连接酶的作用只扩充以 X_1 为首位元和尾位元的 DNA 分子链,生成初始数据池 T_0 .

步骤 2 删除长度不为 70 个碱基的 DNA 分子链.

将试管 T_0 中的溶液倒入加有电场的多级分离装置中,使 DNA 分子通过凝胶.由于 DNA 分子带负电, DNA 分子将向正极方向移动,在凝胶的摩擦力的作用下,按长度形成一条条 DNA 分子带.据此分离出长度为 70 个碱基的 DNA 分子,以这些 DNA 分子作为新的数据池,仍记为 T_0 .

步骤 3 删掉具有除首、尾位元以外的重复位元的 DNA 分子链.

在步骤 2 中得到的 DNA 分子链包含两个 X_1 ,只要不包含 X_2, X_3, X_4, X_5, X_6 中任何一个位元,则该 DNA 分子链必有除首、尾位元外的重复位元,将这些包含重复元素的 DNA 分子链删除,即:

for ($i = 2; i \leq 6; i++$)

{

E-Separate + (T_0, X_i) and - (T_0, X_i);

$T_0 = + (T_0, X_i)$;

}

将 X_1 的补码作为探针固定在试管 T_1 的试管壁上.将 T_0 中的 DNA 溶液缓缓倒入试管 T_1 ,经过足够时间的反应后,包含位元 X_2 的 DNA 分子将被吸附在 T_1 的试管壁上.倒掉其余的 DNA 溶液,使用缓冲液冲洗试管 T_1 的试管壁;加热,使粘贴链与存储链解链;再使用凝胶电泳技术即可分离出 + (T_0, X_1),将其倒入试管 T_0 中.仿照上述操作,依次删除不包含位元 X_3, X_4, X_5, X_6 的 DNA 分子链.

步骤 4 删除包含“同性相邻”这一情况的 DNA 分

子链.

这一步骤可以使用广义的多级分离来实现如下:

EM-Separate + ($T_0, X_1 X_3, X_2 X_4, X_3 X_5, X_4 X_6, X_3 X_1, X_4 X_2, X_5 X_3, X_6 X_4$) and - ($T_0, X_1 X_3, X_2 X_4, X_3 X_5, X_4 X_6, X_3 X_1, X_4 X_2, X_5 X_3, X_6 X_4$);

以子链 $X_1 X_3, X_2 X_4, X_3 X_5, X_4 X_6, X_3 X_1, X_4 X_2, X_5 X_3, X_6 X_4$ 的补码为探针,将它们分别固定在多级分离装置^[14]的栅层 $L_1, L_2, \dots, L_8$ 上.将 T_0 中的 DNA 分子溶液缓缓倒入多级分离装置,在电场的作用下使其从第 1 个栅层往第 8 个栅层的方向移动.在上述 8 个子链中,只包含子链 $X_1 X_3$ 的 DNA 分子将被栅层 L_1 捕获,只包含子链 $X_2 X_4$ 的 DNA 分子将被栅层 L_2 捕获,……,只包含子链 $X_6 X_4$ 的 DNA 分子将被栅层 L_8 捕获.滤液中为不包含上述 8 个子链中任何子链的 DNA 分子,将其倒入试管 T_0 中.

步骤 5 删除包含“夫妻相邻”这一情况的 DNA 分子链.

这一步骤可以使用广义的多级分离实现如下:

EM-Separate + ($T_0, X_1 X_2, X_3 X_4, X_5 X_6, X_6 X_5, X_4 X_3, X_2 X_1$) and - ($T_0, X_1 X_2, X_3 X_4, X_5 X_6, X_6 X_5, X_4 X_3, X_2 X_1$);

仿照步骤 4 的实验操作,使用广义的多级分离即可实现,这里不再赘述.

经过以上各步操作, T_0 中的 DNA 分子即为代表满足要求的就座方案的 DNA 分子链.

我们在 Visual C++ 6.0 下对上述实验进行了模拟,检测得到两种 DNA 单链分子,最终结果及其对应的就座方案如表 1 所示.

表 1 结果 DNA 分子及对应的就座方案

序号	5' 到 3' 的结果 DNA 分子	就座方案
1	5'- CTGACAGGGATGTCATTGTGTTG	$m_1 m_4 m_5 m_2$ $m_3 m_6 m_1$
	CCACTCACCCTCTGTATAGCAGC	
	AGTTAGCCTTCCGCTGACAGGGA-3'	
2	5'-CTGACAGGGATAGCCTTCCGTAG	$m_1 m_6 m_3 m_2$ $m_5 m_4 m_1$
	CAGCAGTCCCTCTGTATTGCCAC	
	TCATGTGCATTGCTGACAGGGA -3'	

上述结果 DNA 分子链对应的就座方案如图 1 所示.

从表 1 得知,该实例的就座方案共有 2 种.得到这一结果需要 5 步广义的分离操作和两步广义的多级分离操作.

5 结束语

本文给出了基于粘贴 DNA 模型的 Ménage 问题的 DNA 算法.衡量 DNA 算法的复杂度的主要指标是分离

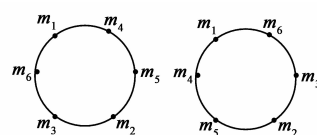


图 1 实例的就座方案

操作的步骤数. 若为 n 对夫妻的 Ménage 问题, 则本文算法所需要的广义的分离操作步骤数为 $2n - 1$, 所需要的广义的多级分离操作的步骤数为 2, 即该算法拥有线性的复杂度. 使用其它 DNA 计算模型解决 Ménage 问题以及探索其它难题的 DNA 算法都是值得进一步研究的方向.

参考文献

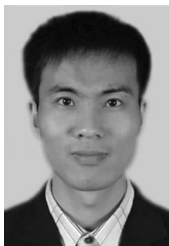
- [1] L M Adleman. Molecular computation of solutions to combinatorial problems [J]. Science, 1994, 266(5187): 1021 – 1024.
- [2] R J Lipton. DNA solution of hard computational problems [J]. Science, 1995, 268(5210): 542 – 545.
- [3] Q Ouyang, P D Kaplan, S Liu, et al. DNA solution of the maximal clique problem [J]. Science, 1997, 278(5337): 446 – 449.
- [4] S Roweis, E Winfree, R Burgoyne, et al. A sticker-based model for DNA computation [J]. Journal of Computational Biology, 1998, 5(4): 615 – 629.
- [5] L M Smith, R M Corn, A E Condon, et al. A surface-based approach to DNA computation [J]. Journal of Computational Biology, 1998, 5(2): 255 – 267.
- [6] E Winfree, F Liu, L A Wenzler, et al. Design and self-assembly of two dimensional DNA crystals [J]. Nature, 1998, 394(6693): 539 – 544.
- [7] K Sakamoto, H Gouzu, K Komiya, et al. Molecular computation by DNA hairpin formation [J]. Science, 2000, 288(5469): 1223 – 1226.
- [8] Shiyang Wang, Jun Yuan. DNA computing of directed line-graphs [J]. Match-Communications in Mathematical and in Computer Chemistry, 2006, 56(3): 479 – 484.
- [9] Wang Shiyang, Yuan Jun, Lin Shangwei. DNA labelled graphs with DNA computing [J]. Science in China (Series A: Mathematics), 2008, 51(3): 437 – 452.
- [10] Wang Shu-Dong. Analysis for graph coloring problem based on sticker and deletion systems [J]. Chinese Journal of Computers, 2008, 31(12): 2123 – 2128.
- [11] Majid Darehmiraki. A new solution for maximal clique problem based sticker model [J]. Biosystems, 2009, 95(2): 154 – 159.
- [12] 周旭, 李肯立, 乐光学, 杨志邦. 一种基于分治的三维匹配问题的 DNA 计算算法 [J]. 电子学报, 2010, 38(8): 1831 – 1836.
ZHOU Xu, LI Ken-li, YUE Guang-xue, YANG Zhi-bang. A new DNA computing's algorithm for 3-dimensional matching problem based on divide and conquer strategy [J]. Acta Electronica Sinica, 2010, 38(8): 1831 – 1836. (in Chinese)
- [13] 王淑栋, 宋戮, 李二艳. DNA Golay 码的设计与分析 [J].

电子学报, 2009, 37(7): 1542 – 1545.

WANG Shu-dong, SONG Tao, LI Er-yan, YANG Zhi-bang. The design and analysis of DNA golay codes [J]. Acta Electronica Sinica, 2009, 37(7): 1542 – 1545. (in Chinese)

- [14] 马季兰, 杨玉星, 孙承意. 粘贴 DNA 模型的多级分离技术及其应用 [J]. 计算机工程与设计, 2007, 28(13): 3039 – 3041, 3065.
Ma Ji-lan, Yang Yu-xing, Sun Cheng-yi. Multi-separation techniques of sticker DNA model and its applications [J]. Computer Engineering and Design, 2007, 28(13): 3039 – 3041, 3065. (in Chinese)
- [15] 王向红, 刘文斌, 朱翔鸥, 章林溪. DNA 计算中的单模板编码方法改进研究 [J]. 电子学报, 2009, 37(12): 2720 – 2724.
WANG Xiang-hong, LIU Wen-bin, ZHU Xiang-ou, ZHANG Lin-xi. Improving the single template method in DNA computing [J]. Acta Electronica Sinica, 2009, 37(12): 2720 – 2724. (in Chinese)
- [16] 朱翔鸥, 刘文斌, 孙川. DNA 计算编码研究及其算法 [J]. 电子学报, 2006, 34(7): 1169 – 1174.
ZHU Xiang-ou, LIU Wen-bin, SUN Chuan. Research on the DNA words and algorithm [J]. Acta Electronica Sinica, 2006, 34(7): 1169 – 1174. (in Chinese)
- [17] Lajos Takács. On the “problem des Ménages” [J]. Discrete Mathematics, 1981, 36(3): 289 – 297.
- [18] Tanaka F, Kameda A, Yamamoto M. Design of nucleic acid sequences for DNA computing based on a thermodynamic approach [J]. Nucleic Acids Research, 2005, 33(3): 903 – 911.

作者简介



杨玉星 男, 1981 年 4 月生于河南省柘城县. 讲师. 中国计算机学会会员. 2007 年在太原理工大学获得工学硕士学位. 现为山西大学计算机与信息技术学院博士研究生, 安阳师范学院教师. 主要从事 DNA 计算、图与网络优化方向的研究.

E-mail: yxyangn@163.com



王世英 男, 1961 年 1 月生于山西省晋中市. 教授、博士生导师. 美国数学评论评论员、中国运筹学会理事. 2000 年在郑州大学获理学博士学位, 2002 年在华中科技大学获博士后证书. 现为山西大学数学与应用数学研究所副所长. 主要从事 DNA 计算、图与网络优化方向的研究.

E-mail: shiyang@sxu.edu.cn