

研究、探讨

## 基于粘贴模型的两类全排问题的DNA算法

栗青生<sup>1</sup>, 杨玉星<sup>1</sup>, 马季兰<sup>2</sup>

1. 安阳师范学院 计算机与信息工程学院, 河南 安阳 455000

2. 太原理工大学 计算机与软件学院, 太原 030024

收稿日期 2008-9-2 修回日期 2008-10-31 网络版发布日期 2010-2-2 接受日期

**摘要** 基于粘贴模型的巨大并行性, 分别给出了线性全排列和圆周全排列问题的粘贴DNA算法; 分析了两类问题的DNA算法的不同之处; 通过一个实例给出了实验操作步骤, 并对生化实验进行了模拟, 得出了正确的结果, 从而证明了算法的可行性。最后, 对算法的操作复杂度进行了分析。

**关键词** [全排列](#) [圆排列](#) [DNA计算](#) [粘贴模型](#)

**分类号** [TP301.6](#)

## DNA algorithm of two kinds of full permutation problem based on sticker model

LI Qing-sheng<sup>1</sup>, YANG Yu-xing<sup>1</sup>, MA Ji-lan<sup>2</sup>

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

2. College of Computer and Software, Taiyuan University of Technology, Taiyuan 030024, China

### Abstract

Sticker DNA algorithms of linear full permutation and circle full permutation are proposed based on the vast parallelism of sticker model, and the differences between the algorithms are illustrated. The operation steps are given through an instance, and simulation experiments are carried out to illustrate the biochemical processes. The final correct results are gotten. Consequently, the feasibilities of the algorithms are proved. At last, the complexities are analyzed.

**Key words** [full permutation](#) [circle permutation](#) [DNA computing](#) [sticker model](#)

DOI: 10.3778/j.issn.1002-8331.2010.04.014

通讯作者 栗青生 [jade\\_star@163.com](mailto:jade_star@163.com)

### 扩展功能

#### 本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(526KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)

▶ [参考文献](#)

#### 服务与反馈

▶ [把本文推荐给朋友](#)

▶ [加入我的书架](#)

▶ [加入引用管理器](#)

▶ [复制索引](#)

▶ [Email Alert](#)

▶ [文章反馈](#)

▶ [浏览反馈信息](#)

#### 相关信息

▶ [本刊中 包含“全排列”的 相关文章](#)

▶ [本文作者相关文章](#)

· [栗青生](#)

· [杨玉星](#)

· [马季兰](#)