

# 哈密尔顿回路问题的 DNA 表面计算模型

李朝鹏<sup>1,2</sup>, 成运<sup>1</sup>, 李肯立<sup>2</sup>, 周旭<sup>3</sup>

LI Zhao-peng<sup>1,2</sup>, CHENG Yun<sup>1</sup>, LI Ken-li<sup>2</sup>, ZHOU Xu<sup>2</sup>

1.湖南人文科技学院 通信与控制工程系, 湖南 娄底 417000

2.湖南大学 计算机与通信学院, 长沙 410082

3.嘉兴学院 数学与信息学院, 浙江 嘉兴 314001

1.Dept. of Communication and Control Engineering, Hunan University of Humanities, Science and Technology, Loudi, Hunan 417000, China

2.School of Computer and Communication, Hunan University, Changsha 410082, China

3.College of Mathematics and Information Engineering, JiaXing University, Jiaxing, Zhejiang 314001, China

E-mail: lzpd@163.com

LI Zhao-peng, CHENG Yun, LI Ken-li, et al. Surface-based DNA algorithm for Hamiltonian path problem. *Computer Engineering and Applications*, 2010, 46(8): 48-51.

**Abstract:** The paper innovatively presents a surface-based DNA algorithm for solving Hamiltonian circuit problem in a nondirectional graph. The model, based on the solution space of Hamiltonian problem, fixes the DNA molecules of solution space on the solid carrier, and fluorescence labels on them, and then gets all solutions of Hamiltonian circuit problem by certain biochemical actions. Compared with other models for Hamiltonian path problem, this model shows better performances on low rate of error, easily coding and conveniency to read.

**Key words:** DNA supercomputing; surface-based computing model; NP-complete problem; Hamiltonian circuit problem

**摘要:**首次提出用 DNA 表面计算模型来解决无向图哈密尔顿回路问题。该模型基于哈密尔顿回路问题的解空间, 将问题解空间的 DNA 分子固定在固体载体上, 对其进行荧光标记, 然后通过相应的生化反应筛选出哈密尔顿回路问题的所有解。与已有的哈密尔顿路径问题的其它模型相比, 新模型具有错误率低, 编码简易, 读取方便等更好的性能。

**关键词:** DNA 超级计算; 表面计算模型; NP 完全问题; 哈密尔顿回路问题

**DOI:** 10.3778/j.issn.1002-8331.2010.08.014 **文章编号:** 1002-8331(2010)08-0048-04 **文献标识码:** A **中图分类号:** TP18

## 1 引言

随着计算机技术的不断发展, 各种非线性问题和 NP-完全问题在新工程技术领域中不断出现, 现有的电子计算机无法解决这类复杂计算问题。而 DNA 计算作为一种新型的基于生化反应的计算方式, 具有高并行计算、存储量大等优点, 可满足计算机技术发展的需要, 因此对 DNA 计算技术进行深入研究具有非常重要的意义。

1994 年, Adleman 第一次利用现代分子生物技术, 在试管中进行了 DNA 实验, 解决了有向图的哈密尔顿路问题(Hamiltonian Path Problem, HPP)<sup>[1]</sup>。虽然在实验室进行了 7 天的实验才解决一个只有 7 个顶点的有向图哈密尔顿路问题。但是由于他首先提出用 DNA 计算的方法来解决 NP-完全问题, 开辟了求解 NP-完全问题计算的新领域, 因而在国际上引起了巨大的轰动。1995 年, Lipton 修正了 Adleman 的实验方法, 解决了著名

的“可满足性”问题(Boolean Satisfaction Problem, SAT)<sup>[2-3]</sup>。此后, Ouyang 等利用 POA 技术合成 DNA 分子来设计 DNA 计算中所需要的所有数据库, 给出求解图的最大团问题的 DNA 计算模型<sup>[4]</sup>; Head 等用基于质粒的 DNA 计算求解了最大独立集问题<sup>[5]</sup>; 2002 年, Ravinderjit S. Braich 等利用 DNA 计算机成功地解决了 20 个变量的 3-SAT 问题<sup>[6]</sup>。

Liu Qinghua 等一直致力于表面上的 DNA 计算, 并用该模型成功解决了 SAT 问题, 在生物实验的手段和方法上更加完善, 减少了早期试管实验的差错率, 该模型被称为表面 DNA 计算模型, 即把 DNA 计算的所有可能结果附着在固体表面上, 然后通过系列的杂交和酶切来得到最后答案<sup>[7]</sup>; 2001 年, Wu Haoyang 分析并改进了表面 DNA 计算模型<sup>[8]</sup>。最近, 刘文斌等与陈治平等分别利用基于表面方式的不同 DNA 计算模型先后提出了最大匹配问题<sup>[9]</sup>与最佳匹配问题<sup>[10]</sup>的 DNA 计算机算法。

**基金项目:**国家自然科学基金(the National Natural Science Foundation of China under Grant No.60603053); 国家自然科学基金重大项目(the Grand National Natural Science Foundation of China under Grant No.90715029); 湖南省重点建设学科项目; 湖南省教育厅项目(the Project of Department of Education of Hunan Province, China under Grant No.09C546)。

**作者简介:**李朝鹏(1974-), 男, 讲师, 研究领域为并行处理, 数据挖掘, 生物计算; 成运(1966-), 男, 博士, 教授, 研究领域为视频及图像处理; 李肯立(1971-), 男, 博士, 教授, 研究领域为并行处理, DNA 计算机, 数据挖掘。

**收稿日期:** 2009-08-20 **修回日期:** 2009-12-29

随着生物芯片技术的不断发展, DNA 计算将会更加简单和方便。

哈密尔顿回路问题是一个经典的图论问题。文章首先将哈密尔顿问题转化为等价的约束方程组, 通过利用 DNA 表面计算模型, 采用荧光标记的策略和荧光猝灭技术, 通过观察荧光排除非解, 有效解决了哈密尔顿回路问题。该模型具有有效解读取简单、编码简单和错误率低的特点。

## 2 哈密尔顿回路的 DNA 表面计算模型

### 2.1 问题描述

给定无向图  $G=(V, E)$ , 对边集  $E$  的任一子集  $M(M \subseteq E)$ , 若  $M$  构成一条回路且经过  $V$  中每个顶点一次且仅一次, 则称  $M$  是图  $G$  的一条哈密尔顿回路。如图 1, 边  $e_1, e_2, e_3, e_4, e_5, e_6, e_7, e_8$  构成了一条哈密尔顿回路。

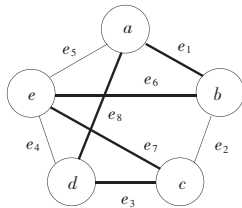


图 1 哈密尔顿回路图

这是图论中的一个 NP-完全问题。到目前为止, 图论专家还没有给出一个较好的求解哈密尔顿回路问题的充要条件。在电子计算机上解决该问题的精确算法所需要的时间随着图规模的扩大呈指数增长。文章利用 DNA 表面计算模型的高度并行性, 首先对哈密尔顿回路问题进行转换, 给出了无向图存在哈密尔顿回路的充要条件; 然后通过 DNA 表面计算模型对解空间进行筛选以求得所有解。

### 2.2 问题转换

对于任一具有  $n$  个顶点、 $m$  条边的无向图  $G=(V, E)$ , 令  $E(G)=\{e_1, e_2, \dots, e_m\}$ , 则其哈密尔顿回路可以用  $m$  个二值变量 (即变量的值仅能取 0, 1) 来表示, 变量的下标对应于边的顺序。若  $x_i=1 (i=1, 2, \dots, m)$ , 则表示  $e_i$  存在于该哈密尔顿回路中, 若  $x_i=0 (i=1, 2, \dots, m)$ , 则表示  $e_i$  不存在于该哈密尔顿回路中。对于图 1 中的  $M_1=\{e_1, e_6, e_7, e_3, e_8\}$  和  $M_2=\{e_1, e_2, e_3, e_4, e_5\}$ , 可以用变量表示如下:

$$M_1: x_1=1, x_2=0, x_3=1, x_4=0, x_5=0, x_6=1, x_7=1, x_8=1;$$

$$M_2: x_1=1, x_2=1, x_3=1, x_4=1, x_5=1, x_6=0, x_7=0, x_8=0。$$

在给出具体算法之前, 首先给出一些定义。

**定义 1** 哈密尔顿回路的约束方程。对于  $G$  中任一顶点  $v_i$ , 假设与  $v_i$  相关联的边为  $x_{i1}, x_{i2}, \dots, x_{ij}$ , 则  $x_{i1}+x_{i2}+\dots+x_{ij}=2$  为该点的约束方程。  $G$  中所有顶点的约束方程成为哈密尔顿回路的约束方程, 从而求解该图的哈密尔顿回路等价于求解如下约束方程组:

$$\begin{cases} \sum x_i=2 & x_i \text{ 为与顶点 1 相关联的边} \\ \sum x_i=2 & x_i \text{ 为与顶点 2 相关联的边} \\ \dots \\ \sum x_i=2 & x_i \text{ 为与顶点 } n \text{ 相关联的边} \\ x_i=0, 1; i=1, 2, \dots, m \end{cases} \quad (1)$$

**定义 2** 约束补链。若用  $z$  种寡聚核苷酸分别表示变量  $x_1, x_2, \dots, x_z$ , 用另外  $z$  种寡聚核苷酸分别表示变量  $\bar{x}_1, \bar{x}_2, \dots, \bar{x}_z$ , 则对式 (1) 中的任意约束方程  $x_1+x_2+\dots+x_z \geq (\text{或} <) b$ , 称  $x_1', x_2', \dots, x_z'$  为  $x_1, x_2, \dots, x_z$  的约束补链, 其中  $x_j'$  为  $x_j$  的补链 ( $j=1, 2, \dots, z$ )。

**定理 1** 任一无向图的哈密尔顿回路等价于方程组 (1)。

**证明** 只需证明边集  $M(M \subseteq E)$  是图  $G$  的一条哈密尔顿回路的充要条件是对于图  $G$  的每个顶点  $v$  在该边集  $M$  中的度数为 2。

充分性: 反证法, 即证以下不成立。图  $G$  中每个顶点在边集  $M$  中的度数为 2, 而  $M$  不是  $G$  的哈密尔顿回路, 即  $M$  不是回路, 或  $M$  没有经过某点, 或  $M$  多次经过某点。若  $M$  不是回路, 则必至少存在某点在  $M$  上的度数为奇数, 这显然与题设矛盾; 若  $M$  没有经过某点, 那么该点在  $M$  中度数为 0, 亦与题设矛盾; 若  $M$  多次经过某点, 那么该点在  $M$  中的度数大于 2, 与题设矛盾。因此充分性得证。

必要性根据哈密尔顿回路定义, 显然成立。

## 3 算法的生物实现

### 3.1 DNA 编码

首先合成  $3m$  种短的寡聚核苷酸, 将它们分为 3 组, 第 1 组的  $m$  种寡聚核苷酸分别表示变量  $x_1, x_2, \dots, x_m$ ; 第 2 组的  $m$  种寡聚核苷酸分别表示变量  $\bar{x}_1, \bar{x}_2, \dots, \bar{x}_m$ ; 第 3 组的  $m$  种寡聚核苷酸分别表示变量  $x_1', x_2', \dots, x_m'$ ,  $x_j'$  为  $x_j$  的补链 ( $j=1, 2, \dots, m$ )。其中为了避免此前两组寡聚核苷酸之间的错误杂交, 选择的前两组寡聚核苷酸应具有较大差异, 至少存在 4 个以上不同。然后, 利用前两组  $2m$  种寡聚核苷酸构造 DNA 链, 具体构造方法如下:

(1) 构造出此前  $2m$  种寡聚核苷酸的不同  $2^m$  个组合, 每个组合包含  $m$  个变量所对应的寡聚核苷酸, 利用杂交的方法把它们连接成  $2^m$  个不同的 DNA 链;

(2) 在每个不同的 DNA 链上按照由下到上的顺序分别连接上  $m$  种不同的荧光素;

(3) 将构造好的 DNA 链固定在表面上。

### 3.2 算法生物实现步骤

根据 DNA 编码规则, 执行以下步骤:

**步骤 1** 首先构造  $3m$  种短的寡聚核苷酸, 把它们分为 3 组, 如 3.1 节所述。然后用前  $2m$  种短寡聚核苷酸杂交组合成  $2^m$  个互异的 DNA 链, 用疏基修饰固定化核苷酸片段, 将它们固定在表面, 同时按照从下到上的顺序分别连接上  $m$  种不同颜色。

**步骤 2** 约束方程的各个变量, 把它们对应的约束补链加到表面上, 同时在该约束补链上连接上荧光猝灭剂。通过杂交, 利用激光共聚焦显微镜观察表面上的 DNA 链荧光猝灭程度。在该约束方程中, 猝灭两种颜色的 DNA 链符合要求。

**步骤 3** 对步骤 2 的产物加热解开双链, 冲洗掉与 DNA 链杂交的所有补链, 对于已判定为不满足约束条件的 DNA 链不再考虑。

**步骤 4** 重复步骤 2、步骤 3 的操作  $n-1$  次, 即可得到满足约束方程组 (1) 的所有可行解。

**步骤 5** 根据 2.2 节中规定的变量值的意义, 获得图的哈密尔顿回路。

### 3.3 实验实例

用一个如图 2 所示的哈密尔顿回路问题, 详细说明前面算法的具体执行过程。由 2.2 节可知: 图 2 的哈密尔顿回路等价于方程组(2):

$$\begin{cases} x_1+x_4+x_5=2 \\ x_1+x_2+x_6=2 \\ x_2+x_3+x_5=2 \\ x_3+x_4+x_6=2 \end{cases} \quad (2)$$

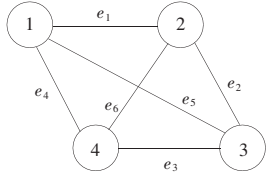


图 2 哈密尔顿回路图

第 1 步 依据第 3.2 节中算法的步骤 1, 首先构造  $3 \times 6 (= 18)$  种短的寡聚核苷酸, 将它们分为 3 组, 第 1 组的 6 种寡聚核苷酸分别表示变量  $x_1, x_2, x_3, x_4, x_5, x_6$ ; 第 2 组的 6 种寡聚核苷酸分别表示变量  $\bar{x}_1, \bar{x}_2, \bar{x}_3, \bar{x}_4, \bar{x}_5, \bar{x}_6$ ; 第 3 组的 6 种寡聚核苷酸分别是第 1 组的补链  $x'_1, x'_2, x'_3, x'_4, x'_5, x'_6$ 。因为为了避免寡聚核苷酸链之间的错误杂交, 选择的前两组寡聚核苷酸应具有较大差异, 至少 4 个以上不同。

然后用前 12 种短寡聚核苷酸  $x_1, x_2, x_3, x_4, x_5, x_6, \bar{x}_1, \bar{x}_2, \bar{x}_3, \bar{x}_4, \bar{x}_5, \bar{x}_6$  杂交组合成 64 个互异的 DNA 链, 如图 3 所示, 用疏基修饰固定化核苷酸片段, 将它们固定在表面, 同时按照从下到上的顺序分别连接上红、黄、蓝、绿、橙、紫 6 种颜色。

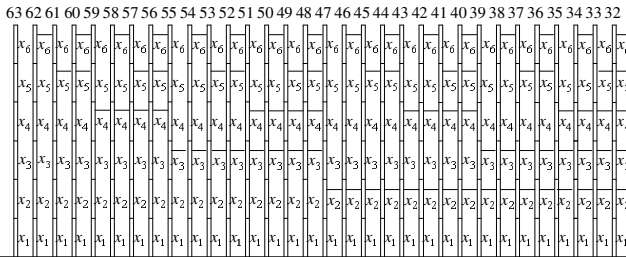
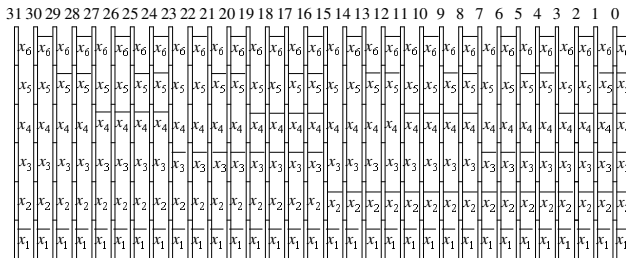


图 3 表面固定 64 个互异的 DNA 链

第 2 步 依据 3.2 节中算法的步骤 2, 首先用 6~9 个原子的联接臂将  $x'_1, x'_2, x'_3, x'_4, x'_5, x'_6$  分别连接上红、黄、蓝、绿、橙、紫 6 种颜色对应的荧光猝灭剂, 荧光猝灭剂为二甲基偶氮苯甲酰 (DABSYL) 基, 对多种荧光素都有很强的荧光猝灭效率。然后对约束方程组(2)中的第 1 个约束方程, 将该约束方程对应的约束补链  $x'_1, x'_4, x'_5$  加入表面, 利用激光共聚焦显微镜观察, 等于 4 种颜色的 DNA 链对应的编码满足约束方程, 在该问题中, 满足第 1 个约束方程条件的 DNA 链编码为 6, 7, 14, 15, 22, 23, 30, 31, 34, 35, 36, 37, 42, 43, 44, 45, 50, 51, 52, 53, 58, 59, 60, 61。

拍摄图片保留。

第 3 步 依据 3.2 节中算法的步骤 3, 加热表面解开双链, 并冲洗掉 DNA 链杂交的所有补链, 对于已判定为不满足约束条件的 DNA 链不再考虑。故现在只需要考虑编码为 6, 7, 14, 15, 22, 23, 30, 31, 34, 35, 36, 37, 42, 43, 44, 45, 50, 51, 52, 53, 58, 59, 60, 61 这 24 个 DNA 链。

第 4 步 依据 3.2 节中算法的步骤 4, 重复 3.2 节中算法的步骤 2、步骤 3, 即上述的第 2 步、第 3 步。

(1) 编码为 6, 7, 14, 15, 22, 23, 30, 31, 34, 35, 36, 37, 42, 43, 44, 45, 50, 51, 52, 53, 58, 59, 60, 61 这 24 个 DNA 链, 将第 2 个约束方程对应的补链  $x'_1, x'_2, x'_6$  加入表面, 利用激光共聚焦显微镜观察, 等于 4 种颜色的 DNA 链对应的编码满足约束方程, 类似地重复第 2 步和第 3 步的实验, 在编号为 6, 7, 14, 15, 22, 23, 30, 31, 34, 35, 36, 37, 42, 43, 44, 45, 50, 51, 52, 53, 58, 59, 60, 61 这 24 个 DNA 链, 满足第 2 个约束方程条件的 DNA 链编码为 23, 31, 35, 37, 43, 45, 50, 52, 58, 60。拍摄图片保留。

(2) 编码为 23, 31, 35, 37, 43, 45, 50, 52, 58, 60 这 10 个 DNA 链, 将第 3 个约束方程的约束补链  $x'_2, x'_3, x'_5$  加入表面, 利用激光共聚焦显微镜观察, 等于 4 种颜色的 DNA 链对应的编码满足约束方程, 类似地重复第 2 步和第 3 步的实验, 在编号为 23, 31, 35, 37, 43, 45, 50, 52, 58, 60 这 10 个 DNA 链中, 满足第 3 个约束方程条件的 DNA 链编码为 23, 43, 50, 60。拍摄图片保留。

(3) 编码为 23, 43, 50, 60 这 4 个 DNA 链, 将最后一个约束方程对应的补链  $x'_3, x'_4, x'_6$  加入表面, 利用激光共聚焦显微镜观察, 等于 4 种颜色的 DNA 链对应的编码满足约束方程, 类似地重复第 2 步和第 3 步, 在编号为 23, 43, 50, 60 这 4 个 DNA 链中, 满足最后一个约束方程条件的 DNA 链编码为 23, 43, 60。拍摄图片保留。

第 5 步 23 对应的编码为  $\bar{x}_1, x_2, \bar{x}_3, x_4, x_5, x_6 \Rightarrow M_1 = \{e_2, e_4, e_5, e_6\}$ 。43 对应的编码为  $x_1, \bar{x}_2, x_3, \bar{x}_4, x_5, x_6 \Rightarrow M_2 = \{e_1, e_3, e_5, e_6\}$ 。60 对应的编码为  $x_1, x_2, x_3, x_4, x_5, \bar{x}_6 \Rightarrow M_3 = \{e_1, e_2, e_3, e_4\}$ 。所以  $M_1 = \{e_2, e_4, e_5, e_6\}$  (如图 4(a)),  $M_2 = \{e_1, e_3, e_5, e_6\}$  (如图 4(b)) 和  $M_3 = \{e_1, e_2, e_3, e_4\}$  (如图 4(c)) 均是图 2 的哈密尔顿回路。

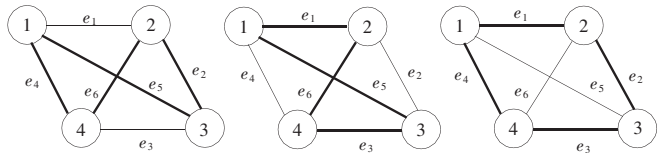


图 4 哈密尔顿回路图

### 4 算法性能分析和比较

根据现有基于表面计算模型的 DNA 算法分析方法<sup>[9, 11-12]</sup>, 该文算法的性能分析如下。

定理 2 无向图哈密尔顿回路问题的 DNA 表面计算模型的操作数为  $O(n)$ , DNA 链数为  $O(2^m)$ , 最大链长度为  $O(m)$ 。

证明 算法的生物实现步骤如 3.2 节所述, 其中步骤 1 为初始化解空间阶段, 然后针对每个约束方程重复执行步骤 2 和步骤 3, 即将约束方程对应的约束补链加到表面, 根据荧光猝灭程度, 删除不满足约束条件的 DNA 链, 留下符合要求的 DNA 链。约束方程个数即顶点数, 因此操作数为  $O(n)$ 。

在初始化问题的时候, 用  $2m$  种短寡聚核苷酸杂交组合成

$2^m$  个互异的 DNA 链,之后的操作根据约束条件对这些链进行筛选,选出符合条件的 DNA 链,并未增加新链,因此 DNA 链数为  $O(2^m)$ 。同样在初始化问题阶段,形成链长为  $m$  的 DNA 链,之后的操作中链长并未发生变化,因此最大链长度为  $O(m)$ 。

Adleman 的第一个 DNA 计算实验即解决哈密尔顿问题,不同的是该实验针对有向图,找到一条指定起始点和结束点的有向哈密尔顿路径,该实验利用试管操作,涉及到连接酶、聚合酶链式反应、凝胶电泳、磁珠分离等多种实验技术<sup>[1]</sup>。而 Zimmermann 在文献[13]中为分别计算 Hamilton 路与圈,提出了基于粘贴模型的 DNA 计算模型,该算法使用了粘贴模型的 4 种基本操作:合并、分离、设置与清除,对于具有  $n$  个顶点  $m$  条边的无向图  $G$ ,该算法分别需要  $12m+7n-6$  步求解哈密尔顿路问题和  $16m+7n-6$  步求解哈密尔顿圈问题。在文献[14]中,王淑栋等使用剪接系统对有向哈密尔顿路的问题进行了分析,模拟问题的剪接系统运行  $n-2$  步,其中  $n$  是模拟问题的规模。

与现有的算法相比<sup>[1,13-14]</sup>,该文算法基于表面计算模型,首先把 DNA 计算的所有可能结果附着在固体表面,然后通过系列杂交和酶切来得到最终结果,突出优点是在时间复杂度不变的前提下,与硅技术有很好的匹配性,并且减少了早期试管实验的差错率。

## 5 结束语

首次提出利用 DNA 表面计算模型解决无向图的哈密尔顿回路问题,将对应于问题解空间的 DNA 分子固定在固体载体上,利用荧光猝灭技术,对每一个约束方程进行判断,删除所有不满足条件的解,得到剩余解。最后的剩余解所对应的边都为该图的哈密尔顿回路。与 Adleman 的经典哈密尔顿路径实验相比,该模型具有操作简单,实验技术要求低,错误率低等优点,而较之文献[13-14],该模型则具有逻辑简单,编码简易,以及读取方便等优势。因此说该文为解决哈密尔顿回路问题提供了一个新思路和新技术,对在简单图中求解该问题是十分有实用价值。

但该模型也存在局限性,即 DNA 链数随图的边数呈指数增长。这将限制该模型在复杂图中的应用,因此,如何降低 DNA 链数将是下一步研究的关键。

(上接 39 页)

$((\frac{1}{2} + \frac{1}{2}\varepsilon) \rightarrow \frac{1}{2}) \vee (\frac{1}{2} + \frac{1}{2}\varepsilon) = \frac{1}{2} + \frac{1}{2}\varepsilon$ , 从而  $\frac{1}{2} < v_\varepsilon(F) < \frac{1}{2} + \varepsilon$ 。因此  $F \in [(\frac{1}{2})^+ - T(M)]$ 。

注 从以上关于系统  $H_{\frac{1}{2}}$  的子代数的广义重言式的有关结论,可类似地推广到多值逻辑系统  $H_\alpha (0 < \alpha < 1)$  的子代数式上,并且系统  $H_\alpha$  的子代数中有关广义重言式的分类定理如下:

**定理 10** 设  $M$  是  $H_\alpha$  的子代数,  $F(S)$  中具有以下几种不同的广义重言式,即  $[0] - T(M)$ ,  $[\frac{\alpha}{2}] - T(M)$ ,  $[(\frac{\alpha}{2})^+] - T(M)$ ,  $[\alpha] - T(M)$ ,  $[\alpha^+] - T(M)$ ,  $T(M)$ , 这里  $\alpha \in (0, 1)$ 。

## 参考文献:

- [1] 王国俊.修正的 Kleene 系统中  $\Sigma$ - $(\alpha$ -重言式)理论[J].中国科学:E 辑,1998,28(2):146-152.
- [2] 王国俊.非经典数理逻辑与近似推理[M].北京:科学出版社,2000.
- [3] Wang G J.On the logic foundation of fuzzy reasoning[J].Information

## 参考文献:

- [1] Adleman L M.Molecular computation of solutions to combinatorial problems[J].Science,1994,266:1021-1024.
- [2] Lipton R J.Speeding up computations via molecular biology [R]. Princeton University,1994.
- [3] Lipton R J.DNA solution of hard computational problems[J].Science,1995,268:542-545.
- [4] Ouyang Q,Kaplan P D,Liu S,et al.Solution of the maximal clique problem[J].Science,1997,278(17):446-449.
- [5] Head T,Rozenberg G,Bladergroen R S,et al.Computing with DNA by operating on plasmids[J].Biosystems,2000,57:87-93.
- [6] Braich R S,Chelyapov N,Johnson C.Solution of a 20-variable 3-SAT problem on a DNA computer[J].Science,2002,296(19):499-502.
- [7] Liu Q,Wang L,Frutos A G,et al.DNA computing on surface[J].Nature,2000,403(13):175-179.
- [8] Wu H.An improved surface-based method for DNA computation[J].Biosystems,2001,59:1-5.
- [9] Liu Wen-bin,Gao Lin,Wang Shu-dong.A surface-based DNA algorithm for maximal matching problem[J].Acta Electronica Sinica,2003,31(10):1496-1500.
- [10] Martínez-Pérez I M,Zimmermann K H.Parallel bioinspired algorithms for NP complete graph problems[J].Journal of Parallel and Distributed Computing,2009,69:221-229.
- [11] 黄育潜.DNA 计算的基本代数原理(一)[J].计算机学报,2008,31(3):353-371.
- [12] 李肯立,周旭,邹舒婷.一种改进的最大团问题的 DNA 计算机算法[J].计算机学报,2008,31(12):2173-2181.
- [13] Zimmermann K-H.Efficient DNA sticker algorithms for NP-complete graph problems[J].Computer Physics Communications,2002,144:297-309.
- [14] 王淑栋,许进,刘文斌.基于剪接系统的有向哈密尔顿路问题分析[J].电子学报,2005,33(5):774-777.
- [15] 陈治平,李小龙,王雷,等.最佳匹配问题的 DNA 表面计算模型[J].计算机研究与发展,2005,42(7):1241-1246.
- [16] 刘文斌,高琳,王淑栋,等.最大匹配问题的 DNA 表面计算模型[J].电子学报,2003,31(10):1496-1500.

Science,1999,177:47-88.

- [4] 王国俊,兰蓉.系统  $H_\alpha$  中的广义重言式理论[J].陕西师范大学学报:自然科学版,2003,31(2):1-11.
- [5] 吴洪博.Gödel 逻辑系统中的广义重言式理论[J].模糊系统与数学,2000,14(4):53-59.
- [6] 吴洪博.Gödel 系统中一种降级算法及性质[J].四川大学学报:自然科学版,2003,40(6):997-1001.
- [7] 王龙春,王国俊. $R_\alpha$ -代数  $[0,1]$  的子代数与广义重言式[J].数学学报,2004,47(3):521-526.
- [8] 杨晓斌,张文修.Lukasiewicz 逻辑系统中的广义重言式理论[J].陕西师范大学学报:自然科学版,1998,26(4):6-9.
- [9] 裴道武.多值逻辑系统中的子代数与广义重言式[J].陕西师范大学学报:自然科学版,2000,28(2):18-22.
- [10] 刘练珍,李开泰.修正的 Product 逻辑中的广义重言式理论[J].模糊系统与数学,2005,19(1):12-17.
- [11] 吴洪博.修正的 Kleene 系统中的广义重言式理论[J].中国科学: E 辑,2002,32(2):224-229.
- [12] 吴洪博.Lukasiewicz 逻辑系统中的广义重言式理论[J].西南交通大学学报,2000,35(5):559-563.