

中国邮递员问题的 DNA 计算

李 玮^{1,2}, 王 雷¹

(1. 湖南大学 软件学院, 长沙 410082; 2. 湖南大学 计算机与通信学院, 长沙 410082)

(nj_wli@hnu.cn)

摘 要:提出了“虚拟权值”和“虚拟节点”的概念,给出了中国邮递员问题的一种基于 DNA 计算的求解算法。新算法首先利用多聚酶链式反应技术来排除非解,从而得到中国邮递员问题的所有可行解;然后,结合基于表面的 DNA 计算方法与荧光标记等技术,最终从所有可行解中析出最优解。算法分析表明,新算法具有易于解读、编码简单等特点。

关键词:DNA 计算;中国邮递员问题;多聚酶链式反应;NP 完全问题

中图分类号:TP301 **文献标志码:**A

DNA computation for Chinese Postman Problem

LI Wei^{1,2}, WANG Lei¹

(1. Software School, Hunan University, Changsha Hunan 410082, China;

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

Abstract: Such new concepts as virtual weight and virtual node were proposed, and based on which, a novel algorithm based on DNA computation was designed to solve the Chinese Postman Problem (CPP). In the new proposed algorithm, all the feasible solutions of the CPP were obtained by utilizing the Polymerase Chain Reaction (PCR) techniques to eliminate false solutions from all the possible solutions, and then, the optimal solutions were extracted from those feasible solutions by utilizing surface-based techniques for DNA computation and fluorescence-labeling. The results indicate that the new algorithm has good characteristics such as simple encoding and readability.

Key words: DNA computing; Chinese Postman Problem (CPP); Polymerase Chain Reaction (PCR); NP-complete problem

0 引言

目前,人们已对 DNA 计算技术展开了深入研究。文献[1]应用 DNA 计算方法,开拓性地解决了一个给定有向图的 Hamilton 路径问题。仿效文献[1]中的方法,文献[2]给出了一种对于可满足性问题(SAT 问题)的 DNA 计算模型。文献[3]利用单链 DNA 分子的“发夹”结构,解决了一个 3-SAT 问题。文献[4]给出了一种基于表面的 SAT 问题的算法,随后文献[5]对其进行了改进。文献[6]将 DNA 计算应用于 0-1 规划问题,解决了一类特殊 0-1 规划问题,即指派问题的推广。文献[7]在文献[6]的基础上完全解决了 0-1 规划问题,并将进而解决了两类特殊的整数规划问题^[8-9]。

中国邮递员问题^[10]是运筹学中的一个重要问题,本文提出了“虚拟权值”和“虚拟节点”的概念,然后基于 DNA 计算在并行运算方面的良好特性,提出了中国邮递员问题的一种基于 DNA 计算的新求解算法。新算法首先利用多聚酶链式反应技术来排除非解,从而得到中国邮递员问题的所有可行解;然后,结合基于表面的 DNA 计算方法与荧光标记策略等技术,最终从所有可行解中析出最优解。算法分析表明,新算法具有易于解读,编码简单等特点。

1 DNA 计算模型

DNA 是一种高分子化合物,组成它的基本单位是脱氧核苷酸,每个脱氧核苷酸由一分子磷酸,一分子脱氧核糖和一

分子含氮碱基组成。含氮碱基有四种,即腺嘌呤(A),鸟嘌呤(G),胞嘧啶(C)和胸腺嘧啶(T)。DNA 不仅具有一定的化学组成,还具有规则的双螺旋结构。DNA 计算的基本思想是利用 DNA 特殊的双螺旋结构和碱基互补配对规律进行信息编码,把要运算的对象映射成 DNA 分子链,在生物酶的作用下,生成各种数据池(Data Pool),然后按照一定的规则将原始问题的数据运算高度并行地映射成 DNA 分子链的可控生化反应过程,最后利用多聚酶链式反应 PCR,凝胶提纯,诱变等分子生物技术检测所需要的运算结果。DNA 计算的核心问题是将经过编码的 DNA 链作为输入,在试管内或其他载体上经过一定时间完成控制的生物化学反应,以此来完成运算,使得从反应后的产物中能得到全部的解空间。

2 中国邮递员问题的 DNA 计算模型

2.1 中国邮递员问题简介

中国邮递员问题是运筹学中的一个重要问题。问题的描述如下:一名邮递员负责投递某个街区的邮件,如何为他(她)设计一条最短的投递路线(从邮局出发,经过投递区内每条街道至少一次,最后返回邮局)?

显然,上述中国邮递员问题可抽象为以下图论模型中的问题。

中国邮递员问题的距离图模型。对于给定的连通无向图 $G = (V, E)$, 其中 $V = \{v_1, v_2, \dots, v_n\}$ 为图 G 中的节点集合, $E = \{e_1, e_2, \dots, e_m\}$ 为图 G 中的无向弧集合,令 d_i 为无向弧 e_i

收稿日期:2009-01-15;修回日期:2009-03-18。

作者简介:李玮(1972-),男,湖南临澧人,讲师,博士研究生,主要研究方向:计算机网络、生物计算;王雷(1973-),男,湖南长沙人,副教授,博士,主要研究方向:计算机网络、人工智能、生物计算。

对应的距离,则对图 G 中给定的节点 v_s ,需要从所有可能路径集 $\{P_j\}$ 中求得一条最优路径 P'_j 。其中 P_j 满足:1) P_j 从节点 v_s 开始到节点 v_s 结束;2) $\{e_1, e_2, \dots, e_m\} \subseteq P_j$; 其中 P'_j 满足: $D(P'_j) = \min\{D(P_j)\}$,其中 $D(x)$ 表示路径 x 中所有无向弧对应的距离之和。

图1给出了一个中国邮递员问题的图论模型示例。

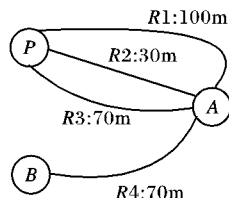


图1 具有4条街道的中国邮递员问题的图论模型

图1中,标识为 P 节点表示邮局,则显然路径 $P \rightarrow R1 \rightarrow A \rightarrow R4 \rightarrow B \rightarrow R4 \rightarrow A \rightarrow R3 \rightarrow P \rightarrow R2 \rightarrow A \rightarrow R2 \rightarrow P$ 为满足要求的最短路径之一,路径总长度为470m。

2.2 中国邮递员问题的图论模型变换

由于2.1节中给出的中国邮递员问题的距离图模型无法直接应用于DNA计算,因此需要对其进行适当变换。在给出具体变换模型之前,先给出需要用到相关概念的定义。

定义1 虚拟权值。给定的连通无向图 $G = (V, E)$,其中 $V = \{v_1, v_2, \dots, v_n\}$ 为图 G 中的节点集合, $E = \{e_1, e_2, \dots, e_m\}$ 为图 G 中的无向弧集合,令 d_j 为无向弧 e_j 对应的距离,将 $\{e_1, e_2, \dots, e_m\}$ 按距离长度进行分组,假定可分为 $k-1$ 个组 G_2, \dots, G_k ,其中 $d(G_2) < d(G_3) < \dots < d(G_k)$, $d(G_j)$ 表示属于组 G_j 中的无向弧的距离长度。我们称组 G_j 对应的组号 j 为属于组 G_j 中的无向弧的虚拟权值。对属于组 G_j 中的任意无向弧,其虚拟权值记为 w_j 。

由定义1可知,第2.1节中的中国邮递员问题可转化为以下图论问题。

中国邮递员问题的虚拟权值图模型,对于给定的连通无向图 $G = (V, E)$,其中 $V = \{v_1, v_2, \dots, v_n\}$ 为图 G 中的节点集合, $E = \{e_1, e_2, \dots, e_m\}$ 为图 G 中的无向弧集合,令 w_j 为无向弧 e_j 对应的虚拟权值,则对图 G 中给定的节点 v_s ,需要从所有可能路径集 $\{P_j\}$ 中求得一条最优路径 P'_j 。其中 P_j 满足:1) P_j 从节点 v_s 开始到节点 v_s 结束;2) $\{e_1, e_2, \dots, e_m\} \subseteq P_j$; 其中 P'_j 满足: $W(P'_j) = \min\{W(P_j)\}$,其中 $W(x)$ 表示路径 x 中所有无向弧对应的虚拟权值之和。

图2给出了图1所示的中国邮递员问题的距离图模型所对应的虚拟权值图模型。

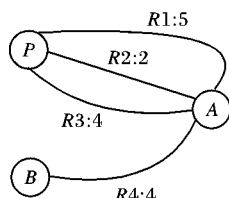


图2 虚拟权值图模型

定义2 虚拟节点/路径节点。给定的连通无向图 $G = (V, E)$,其中 $V = \{v_1, v_2, \dots, v_n\}$ 为图 G 中的节点集合, $E = \{e_1, e_2, \dots, e_m\}$ 为图 G 中的无向弧集合,令 w_j 为无向弧 e_j 对应的虚拟权值,假定无向弧 e_j 的两个端节点分别为 A, B ,则在无向弧 e_j 上可增加 $w_j - 1$ 个中间节点 $N_1, N_2, \dots, N_{w_j-1}$,将 e_j 平均分为 w_j 段,令 $N_0 = A, N_{w_j} = B$,即有 $W(N_i, N_{i+1}) = 1$,其中 $W(N_i, N_{i+1})$ 表示节点 N_i, N_{i+1} 之间的无向弧 e_j 对应的虚拟权值。以上新增加的中间节点称为“虚拟节点”,而图 G

中的节点集 V 中的节点成为“路径节点”。

由定义2可知,第2.1节中的中国邮递员问题可转化为任意无向弧的虚拟权值均为1的以下图论问题(除非特别标明,下文中的节点均为对包括虚拟节点和路径节点在内的所有节点的统称)。

中国邮递员问题的虚拟节点图模型:对于给定的连通无向图 $G = (V, E)$,其中 $V = \{v_1, v_2, \dots, v_n\}$ 为图 G 中的节点集合, $E = \{e_1, e_2, \dots, e_m\}$ 为图 G 中的无向弧集合,则对图 G 中给定的节点 v_s ,需要从所有可能路径集 $\{P_j\}$ 中求得一条最优路径 P'_j 。其中 P_j 满足:(1) P_j 从节点 v_s 开始到节点 v_s 结束; (2) $\{e_1, e_2, \dots, e_m\} \subseteq P_j$; 其中 P'_j 满足: $W(P'_j) = \min\{W(P_j)\}$,其中 $W(x)$ 表示路径 x 中所有无向弧对应的虚拟权值之和。

图3给出了图2所示中国邮递员问题的虚拟权值图模型所对应的虚拟节点权值图模型,其中 P, A, B 为路径节点,标号1到12的节点为虚拟节点。

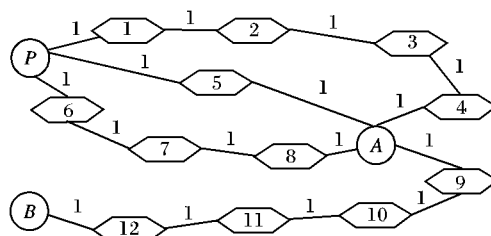


图3 虚拟节点权值图模型

例如:在图3中, $\{P \rightarrow 1 \rightarrow 2 \rightarrow 3 \rightarrow 4 \rightarrow A \rightarrow 8 \rightarrow 7 \rightarrow 6 \rightarrow P \rightarrow 5 \rightarrow A \rightarrow 9 \rightarrow 10 \rightarrow 11 \rightarrow 12 \rightarrow B \rightarrow 12 \rightarrow 11 \rightarrow 10 \rightarrow 9 \rightarrow A \rightarrow 5 \rightarrow P\}$ 即为一满足中国邮递员问题要求的最优路径,该路径包含的虚拟权值之和为23。

2.3 中国邮递员问题的DNA算法

对给定街区的中国邮递员问题,依据2.2节中的描述,首先给出问题对应的虚拟权值图模型 $G' = (V', E')$,其中 G' 为连通无向图, $V' = \{V_1, V_2, \dots, V_M\}$ 为图 G' 中的节点集合, $E' = \{E_1, E_2, \dots, E_M\}$ 为图 G' 中的无向弧(路径)集合。然后,再给出问题对应的虚拟节点图模型 $G = (V, E)$,其中 G 为连通无向图, $V = \{v_1, v_2, \dots, v_n\}$ 为图 G 中的节点集合, $E = \{e_1, e_2, \dots, e_m\}$ 为图 G 中的无向弧(路径)集合。

显然,由2.2节中的描述可知有: $V' \subset V$ 。

针对中国邮递员问题对应的虚拟节点图模型 $G = (V, E)$,不妨假定节点 $v_1 (= V_1)$ 为邮局,则对应的中国邮递员问题的DNA算法如下:

步骤1 随机生成大量长度为20-mer的DNA单链,对 v_1, v_2, \dots, v_n ,选择 n 个不同的DNA单链 S_1, S_2, \dots, S_n 分别与其对应。 $\{$ 对任意节点 A ,用 S_A 表示其所对应的DNA单链。 $\}$

步骤2 $\forall S_j \in \{S_1, S_2, \dots, S_n\}$,得到 S_j 对应的反转补链 \bar{S}_j 。并在试管 T_1 中生成大量 \bar{S}_j 的拷贝。

步骤3 $\forall V \in V', v_1', v_2', \dots, v_i' \in V$,其中 $P\{V_1 \leftrightarrow v_1' \leftrightarrow v_2' \leftrightarrow \dots \leftrightarrow v_i' \leftrightarrow V\}$ 为一条邮局节点 V_1 (用 S 表示邮局), V 之间的路径。则用如下方法生成DNA单链 $S_{S \rightarrow v_1' \rightarrow v_2' \rightarrow \dots \rightarrow v_i' \rightarrow V} \setminus S_{V \rightarrow v_i' \rightarrow v_{i-1}' \rightarrow \dots \rightarrow v_1' \rightarrow S}$ 来表示路径 P ,并在试管 T_2 中生成大量 $S_{S \rightarrow v_1' \rightarrow v_2' \rightarrow \dots \rightarrow v_i' \rightarrow V} \setminus S_{V \rightarrow v_i' \rightarrow v_{i-1}' \rightarrow \dots \rightarrow v_1' \rightarrow S}$ 的拷贝。

1) 用 S_{V_1} 依次链接上 $S_{v_1'}, S_{v_2'}, \dots, S_{v_i'}$ 最后再链接上 S_V 的前10-mer寡核苷酸,所构成的长度为 $20 \times (t + 1.5)$ -mer的DNA单链 $S_{S \rightarrow v_1' \rightarrow v_2' \rightarrow \dots \rightarrow v_i' \rightarrow V}$,来表示路径 $P\{V_1 \rightarrow v_1' \rightarrow v_2' \rightarrow \dots \rightarrow v_i' \rightarrow V\}$;

2) 用 S_V 依次链接上 $S_{v'_t}, S_{v'_{t-1}}, \dots, S_{v'_1}$, 最后再链接上 S_{V_1} 的前 10-mer 寡聚核苷酸, 所构成的长度为 $20 \times (t+1.5)$ -mer 的 DNA 单链 $S_{V \rightarrow v'_t \rightarrow v'_{t-1} \rightarrow \dots \rightarrow v'_1 \rightarrow S}$, 来表示路径 $P\{V \rightarrow v'_t \rightarrow v'_{t-1} \rightarrow \dots \rightarrow v'_1 \rightarrow V\}$ 。

步骤 4 $\forall U, V \in V', v'_1, v'_2, \dots, v'_t \in V$, 其中 $P\{U \leftrightarrow v'_1 \leftrightarrow v'_2 \leftrightarrow \dots \leftrightarrow v'_t \leftrightarrow V\}$ 为一条 U, V 之间的路径。则用如下方法生成 DNA 单链 $S_{U \rightarrow v'_1 \rightarrow v'_2 \rightarrow \dots \rightarrow v'_t \rightarrow V} \setminus S_{V \rightarrow v'_t \rightarrow v'_{t-1} \rightarrow \dots \rightarrow v'_1 \rightarrow U}$ 来表示路径 P , 并在试管 T_3 中生成大量 $S_{U \rightarrow v'_1 \rightarrow v'_2 \rightarrow \dots \rightarrow v'_t \rightarrow V} \setminus S_{V \rightarrow v'_t \rightarrow v'_{t-1} \rightarrow \dots \rightarrow v'_1 \rightarrow U}$ 的拷贝。

1) 用 S_U 的后 10-mer 寡聚核苷酸, 依次链接上 $S_{v'_1}, S_{v'_2}, \dots, S_{v'_t}$, 最后再链接上 S_V 的前 10-mer 寡聚核苷酸所构成的长度为 $20 \times (t+1)$ -mer 的 DNA 单链 $S_{U \rightarrow v'_1 \rightarrow v'_2 \rightarrow \dots \rightarrow v'_t \rightarrow V}$, 来表示路径 $P\{U \rightarrow v'_1 \rightarrow v'_2 \rightarrow \dots \rightarrow v'_t \rightarrow V\}$;

2) 用 S_V 的后 10-mer 寡聚核苷酸, 依次链接上 $S_{v'_t}, S_{v'_{t-1}}, \dots, S_{v'_1}$, 最后再链接上 S_U 的前 10-mer 寡聚核苷酸所构成的长度为 $20 \times (t+1)$ -mer 的 DNA 单链 $S_{V \rightarrow v'_t \rightarrow v'_{t-1} \rightarrow \dots \rightarrow v'_1 \rightarrow U}$, 来表示路径 $P\{V \rightarrow v'_t \rightarrow v'_{t-1} \rightarrow \dots \rightarrow v'_1 \rightarrow U\}$ 。

步骤 5 将试管 T_1, T_2, T_3 倒入试管 T_4 。在试管 T_4 中将产生大量的连接酶反应。

注: 连接酶反应: 存在一种称为连接酶的酶, 该种酶能将两条不同的 DNA 单链串联成为一条 DNA 双链。

步骤 6 利用 \bar{S}_1 作为引物, 基于多聚酶链式反应 (Polymerase Chain Reaction, PCR) 放大技术, 使得步骤 5 所得到的产物中, 仅以 \bar{S}_1 起始, 并以 \bar{S}_1 结束的 DNA 双链得到放大。分离放大的 DNA 链并保存到试管 T_5 。加热解开试管 T_5 中的 DNA 双链, 生成 DNA 单链。

步骤 7 $\forall E_j \in E'$, 其中 E_j 为一条 U, V 之间的无向弧, v'_1, v'_2, \dots, v'_t 为 U, V 之间的虚拟节点, 则分别利用吸附到磁珠上的 $\bar{S}_{U \rightarrow v'_1 \rightarrow v'_2 \rightarrow \dots \rightarrow v'_t \rightarrow V} \setminus \bar{S}_{V \rightarrow v'_t \rightarrow v'_{t-1} \rightarrow \dots \rightarrow v'_1 \rightarrow U}$ 来孵化 (Incubate) 生成的单链 DNA。由于只有包含 $S_{U \rightarrow v'_1 \rightarrow v'_2 \rightarrow \dots \rightarrow v'_t \rightarrow V}$ 或 $S_{V \rightarrow v'_t \rightarrow v'_{t-1} \rightarrow \dots \rightarrow v'_1 \rightarrow U}$ 的 DNA 单链才能与 $\bar{S}_{U \rightarrow v'_1 \rightarrow v'_2 \rightarrow \dots \rightarrow v'_t \rightarrow V}$ 或 $\bar{S}_{V \rightarrow v'_t \rightarrow v'_{t-1} \rightarrow \dots \rightarrow v'_1 \rightarrow U}$ 产生连接酶反应, 因此可通过磁珠的磁性分离出试管 T_5 中包含 $S_{U \rightarrow v'_1 \rightarrow v'_2 \rightarrow \dots \rightarrow v'_t \rightarrow V}$ 或 $S_{V \rightarrow v'_t \rightarrow v'_{t-1} \rightarrow \dots \rightarrow v'_1 \rightarrow U}$ 的 DNA 单链。

步骤 8 对步骤 7 所得到的产物, 依次对 E' 中的所有其他无向弧分别重复步骤 8。保留最终得到的 DNA 单链。

步骤 9 对步骤 8 所得到的所有 DNA 单链, 首先, 使之带上负电, 然后将其放置于矩阵凝胶体 (Gel Matrix) 的负极。基于相斥原理, 所有 DNA 单链将向反方向移动。由于长的 DNA 链的移动速度小于短的 DNA 链, 因此, 可以分离出移动速度最快的 DNA 单链。

步骤 10 对步骤 9 所得到的任意 DNA 单链, 按以下方法确定其对应的路径中包含的各条无向弧的访问顺序:

1) 将得到的 DNA 单链固定在表面上;

2) $\forall E_j \in E' = \{E_1, E_2, \dots, E_M\}$, 其中 E_j 为一条 U, V 之间的无向弧, v'_1, v'_2, \dots, v'_t 为 U, V 之间的虚拟节点, 将 $\bar{S}_{U \rightarrow v'_1 \rightarrow v'_2 \rightarrow \dots \rightarrow v'_t \rightarrow V} \setminus \bar{S}_{V \rightarrow v'_t \rightarrow v'_{t-1} \rightarrow \dots \rightarrow v'_1 \rightarrow U}$ 连接上不同的荧光素;

3) 将 $\bar{S}_{U \rightarrow v'_1 \rightarrow v'_2 \rightarrow \dots \rightarrow v'_t \rightarrow V} \setminus \bar{S}_{V \rightarrow v'_t \rightarrow v'_{t-1} \rightarrow \dots \rightarrow v'_1 \rightarrow U}$ 加到表面上;

4) 重复上述步骤 2) 和 3), 直到 DNA 单链构成 DNA 双链。

5) 利用激光共聚焦显微镜观察表面上的 DNA 双链的荧光素颜色, 即可确定其对应的路径中包含的各条无向弧的访问顺序。

问顺序。

显然, 针对具有 n 个节点的模型 $G = (V, E)$, 步骤 1 的时间复杂度为 $O(n)$; 在步骤 2 中, 由于 DNA 计算的并行性, 针对不同的 \bar{S}_j , 在试管 T_1 中生成大量 \bar{S}_j 的拷贝是同时进行的, 因此其时间复杂度也为 $O(n)$; 在步骤 3 中, 假定模型 $G = (V, E)$ 中的不同路径条数为 m , 则步骤 3 的时间复杂度为 $O(m)$; 类似步骤 3, 易知步骤 4 的时间复杂度也为 $O(m)$; 步骤 5、6、7、8 的时间复杂度显然均为 $O(1)$; 而对步骤 10, 由于模型 $G = (V, E)$ 中的不同路径条数为 m , 因此得到的 DNA 单链至多为 m , 因此, 其时间复杂度为 $O(m)$ 。一般而言, 由于 $m \gg n$, 故综上所述, 算法的总的时间复杂度为 $O(m)$ 。

3 算法分析

以图 3 为例, 假若节点 P 为邮局, 简要介绍 2.3 节中给出的中国邮递员问题 DNA 算法的具体执行过程。

步骤 1 随机生成大量长度为 20-mer 的寡聚核苷酸链, 对 $P, A, B, 1, 2, \dots, 12$ 共 15 个节点选择 15 个不同的 DNA 链 $S_P, S_A, S_B, S_1, S_2, \dots, S_{12}$ 分别与其对应。例如: 可选择 $S_P = \text{GTCACACTTCGGACTGACCT}, S_5 = \text{TGTGCTATGGGAAGTACAGCG}, S_A = \text{CACGTAAGACGAGCAAAAAA}$ 。

步骤 2 对任意 $S_j \in \{S_P, S_A, S_B, S_1, S_2, \dots, S_{12}\}$, 得到 S_j 对应的反转补链 \bar{S}_j , 并在试管 T_1 中生成大量 \bar{S}_j 的拷贝。

步骤 3 $\forall V \in V', v'_1, v'_2, \dots, v'_t \in V$, 其中 $P\{V_1 \leftrightarrow v'_1 \leftrightarrow v'_2 \leftrightarrow \dots \leftrightarrow v'_t \leftrightarrow V\}$ 为一条 V_1 (用 S 表示), V 之间的无向弧。生成 DNA 单链 $S_{S \rightarrow v'_1 \rightarrow v'_2 \rightarrow \dots \rightarrow v'_t \rightarrow V} \setminus S_{V \rightarrow v'_t \rightarrow v'_{t-1} \rightarrow \dots \rightarrow v'_1 \rightarrow S}$ 来表示 P , 并在试管 T_2 中生成大量 $S_{S \rightarrow v'_1 \rightarrow v'_2 \rightarrow \dots \rightarrow v'_t \rightarrow V} \setminus S_{V \rightarrow v'_t \rightarrow v'_{t-1} \rightarrow \dots \rightarrow v'_1 \rightarrow S}$ 的拷贝。

步骤 4 $\forall U, V \in V', v'_1, v'_2, \dots, v'_t \in V$, 其中 $P\{U \leftrightarrow v'_1 \leftrightarrow v'_2 \leftrightarrow \dots \leftrightarrow v'_t \leftrightarrow V\}$ 为一条 U, V 之间的无向弧。生成 DNA 单链 $S_{U \rightarrow V} \setminus S_{V \rightarrow U}$ 来表示 P , 并在试管 T_3 中生成大量 $S_{U \rightarrow V} \setminus S_{V \rightarrow U}$ 的拷贝。

步骤 5 将试管 T_1, T_2, T_3 倒入试管 T_4 。在试管 T_4 中将产生大量的连接酶反应。

步骤 6 利用 \bar{S}_P 作为引物, 基于多聚酶链式反应放大技术, 使得步骤 5 所得到的产物中, 仅以 \bar{S}_P 起始, 并以 \bar{S}_P 结束的 DNA 双链得到放大。分离放大的 DNA 链并保存到试管 T_5 。加热解开试管 T_5 中的 DNA 双链, 生成 DNA 单链。

图 4 给出了一条以 \bar{S}_P 起始, 并以 \bar{S}_P 结束的 DNA 双链实例。

5' \bar{S}_P 3'	5' \bar{S}_S 3'	5' \bar{S}_A 3'	5' \bar{S}_S 3'	5' \bar{S}_P 3'
5' $S_{S \rightarrow S \rightarrow A}$ 3'		5' $S_{A \rightarrow S \rightarrow S}$ 3'		

图 4 一条以 \bar{S}_P 起始, 并以 \bar{S}_P 结束的 DNA 双链实例

图 5 给出了一条 DNA 双链加热解开后生成的 DNA 单链实例。

5' $S_{S \rightarrow 1 \rightarrow 2 \rightarrow 3 \rightarrow 4 \rightarrow A}$ 3'	5' $S_{A \rightarrow 8 \rightarrow 7 \rightarrow 6 \rightarrow P}$ 3'	5' $S_{P \rightarrow 5 \rightarrow A}$ 3'
5' $S_{A \rightarrow 9 \rightarrow 10 \rightarrow 11 \rightarrow 12 \rightarrow B}$ 3'	5' $S_{B \rightarrow 12 \rightarrow 11 \rightarrow 10 \rightarrow 9 \rightarrow A}$ 3'	5' $S_{A \rightarrow S \rightarrow S}$ 3'

图 5 一条生成的 DNA 单链实例

步骤 7 $\forall E_j \in E'$, 其中 E_j 为一条 U, V 之间的无向弧, v'_1, v'_2, \dots, v'_t 为 U, V 之间的虚拟节点, 则分别利用吸附到磁

珠上的 $\bar{S}_{U \rightarrow v_1' \rightarrow v_2' \rightarrow \dots \rightarrow v_k' \rightarrow V} \setminus \bar{S}_{V \rightarrow v_k' \rightarrow v_{k-1}' \rightarrow \dots \rightarrow v_1' \rightarrow U}$ 来孵化生成的单链DNA。然后,通过磁珠的磁性分离出试管 T_5 中包含 $S_{U \rightarrow v_1' \rightarrow v_2' \rightarrow \dots \rightarrow v_k' \rightarrow V}$ 或 $S_{V \rightarrow v_k' \rightarrow v_{k-1}' \rightarrow \dots \rightarrow v_1' \rightarrow U}$ 的DNA单链。

例如:分别利用吸附到磁珠上的 $\bar{S}_{P \rightarrow 1 \rightarrow 2 \rightarrow 3 \rightarrow 4 \rightarrow A}$ 、 $\bar{S}_{A \rightarrow 4 \rightarrow 3 \rightarrow 2 \rightarrow 1 \rightarrow P}$ 即可分别通过磁珠的磁性分离出包含 $\bar{S}_{P \rightarrow 1 \rightarrow 2 \rightarrow 3 \rightarrow 4 \rightarrow A}$ 或 $\bar{S}_{A \rightarrow 4 \rightarrow 3 \rightarrow 2 \rightarrow 1 \rightarrow P}$ 的DNA单链。显然,图5所示的DNA单链满足要求。

步骤8 对步骤7所得到的产物,对 E' 中的所有其他无向弧分别重复步骤8。显然,最终得到的DNA单链所对应的路径包含 E' 中的所有无向弧。

例如:依次分别利用吸附到磁珠上的 $\{\bar{S}_{P \rightarrow 1 \rightarrow 2 \rightarrow 3 \rightarrow 4 \rightarrow A}, \bar{S}_{A \rightarrow 4 \rightarrow 3 \rightarrow 2 \rightarrow 1 \rightarrow P}\}$ 、 $\{\bar{S}_{P \rightarrow 6 \rightarrow 7 \rightarrow 8 \rightarrow A}, \bar{S}_{A \rightarrow 8 \rightarrow 7 \rightarrow 6 \rightarrow P}\}$ 、 $\{\bar{S}_{P \rightarrow 5 \rightarrow A}, \bar{S}_{A \rightarrow 5 \rightarrow P}\}$ 、 $\{\bar{S}_{A \rightarrow 9 \rightarrow 10 \rightarrow 11 \rightarrow 12 \rightarrow B}, \bar{S}_{B \rightarrow 12 \rightarrow 11 \rightarrow 10 \rightarrow 9 \rightarrow A}\}$ 即可分别通过磁珠的磁性分离出同时包含 $\bar{S}_{P \rightarrow 1 \rightarrow 2 \rightarrow 3 \rightarrow 4 \rightarrow A}$ 或 $\bar{S}_{A \rightarrow 4 \rightarrow 3 \rightarrow 2 \rightarrow 1 \rightarrow P}$ 、 $\bar{S}_{P \rightarrow 6 \rightarrow 7 \rightarrow 8 \rightarrow A}$ 或 $\bar{S}_{A \rightarrow 8 \rightarrow 7 \rightarrow 6 \rightarrow P}$ 、 $\bar{S}_{P \rightarrow 5 \rightarrow A}$ 或 $\bar{S}_{A \rightarrow 5 \rightarrow P}$ 、 $\bar{S}_{A \rightarrow 9 \rightarrow 10 \rightarrow 11 \rightarrow 12 \rightarrow B}$ 或 $\bar{S}_{B \rightarrow 12 \rightarrow 11 \rightarrow 10 \rightarrow 9 \rightarrow A}$ 的DNA单链。在本例中,显然图5所示的DNA单链满足要求。且易知,最终得到的这种DNA单链所对应的路径包含 E' 中的所有无向弧。

步骤9 对步骤8所得到的所有DNA单链,首先,使之带上负电,然后将其放置于矩阵凝胶体的负极。基于斥力原理分离出移动速度最快的DNA单链。在本例中,显然图5所示的DNA单链满足要求。

步骤10 对步骤9所得到的任意DNA单链,确定其对应的路径中包含的各条无向弧的访问顺序。

例如:针对图5所示的DNA单链,将其固定在表面上,然后将带有不同荧光素的 $\{\bar{S}_{P \rightarrow 1 \rightarrow 2 \rightarrow 3 \rightarrow 4 \rightarrow A}, \bar{S}_{A \rightarrow 4 \rightarrow 3 \rightarrow 2 \rightarrow 1 \rightarrow P}\}$ 、 $\{\bar{S}_{P \rightarrow 6 \rightarrow 7 \rightarrow 8 \rightarrow A}, \bar{S}_{A \rightarrow 8 \rightarrow 7 \rightarrow 6 \rightarrow P}\}$ 、 $\{\bar{S}_{P \rightarrow 5 \rightarrow A}, \bar{S}_{A \rightarrow 5 \rightarrow P}\}$ 、 $\{\bar{S}_{A \rightarrow 9 \rightarrow 10 \rightarrow 11 \rightarrow 12 \rightarrow B}, \bar{S}_{B \rightarrow 12 \rightarrow 11 \rightarrow 10 \rightarrow 9 \rightarrow A}\}$ 加到表面上,利用激光共聚焦显微镜观察表面上的DNA双链的荧光素颜色,即可确定其

对应的路径中包含的各条无向弧的访问顺序。

4 结语

DNA计算由于具有良好的并行性,因此在解决一类困难问题,特别是完全问题上具有硅计算机无法比拟的优势。利用多聚酶链式反应放大技术,提出了中国邮递员问题的一种基于DNA计算的求解算法。算法分析表明,新算法具有易于解读、编码简单等特点。

参考文献:

- [1] ALDERMAN L M. Molecular computations to combinatorial problems[J]. Science, 1994, 266(11): 1021 - 1024.
- [2] LIPTON R. Using DNA to solve NP-Complete Problems[J]. Science, 1995, 268(4): 542 - 545.
- [3] SAKAMOTO K, KOMIYA K, KIGA D, et al. Molecular computation by DNA hairpin formation[J]. Science, 2000, 288(5): 1223 - 1226.
- [4] LIU Q, GUO Z, FEI Z, et al. A surface based approach to DNA computation[J]. Journal of Computational Biology, 1998, 5(2): 255 - 267.
- [5] WU HAOLANG. An improved surface based method for DNA computation[J]. Bio-systems, 2001, 59(1): 1 - 5.
- [6] 殷志祥, 张风月, 许进. 0-1 规划问题的DNA计算模型[J]. 电子与信息学报, 2003, 15(1): 1 - 5.
- [7] WANG LEI. DNA-based algorithm for 0-1 planning problems[C]// Computational Science and Its Applications. Berlin: Springer, 2005: 733 - 742.
- [8] 王雷, 林亚平. 一类特殊整数规划问题的DNA计算[J]. 计算机研究与发展, 2005, 42(8): 1431 - 1438.
- [9] 王雷, 林亚平. DNA计算在整数规划问题中的应用[J]. 电子与信息学报, 2005, 27(5): 814 - 819.
- [10] 费蓉, 崔杜武. 中国邮递员问题的动态规划算法研究[J]. 计算机研究与发展, 2005, 42(2): 294 - 299.

(上接第1870页)

图6显示了时间和平均端到端时延的关系。其中统计的端到端时延是所有传输成功的包的平均时延。可见,端到端时延较原始协议要小,趋势也更为稳定。

由于路由协议使用了AODV,而AODV仅支持双向链路,因此由于处理数据长度减小而带来的吞吐量的提高无法在仿真结果中体现。但是可以看到,较原始协议IEEE 802.11而言,改进策略R-MAC对于非对称链路无疑具有更好的适应性,由于冲突和丢包率的大幅降低,改进策略还是能够取得更高的吞吐量。而且在处理对称链路时,由于采用了区分策略,除去具体性能的细微差别,具有同原始协议相同的性能变化趋势,而这一点也保证了R-MAC与上层路由协议的兼容。

在改进路由协议的基础上,使用该策略应该能够使系统性能有进一步的提高,这也是一个可能的后续研究方向。

4 结语

在Ad Hoc网络中,由于节点的移动特性和信道的复杂性,非对称链路成为了制约网络性能的重要因素之一。本文通过改进MAC帧结构和转发策略的方式,有效地改善了非对称链路产生的暴露终端和盲目重传问题,并通过仿真验证了现有协议的严重不足和改进策略R-MAC的可行性。在进一步的研究中,重点应当在于如何建立开销更小,性能更高的适

应非对称链路的MAC协议;以及基于跨层优化的非对称链路解决方案。

参考文献:

- [1] 覃振权, 李津生. A2MAC - 一种非对称链路感知的MAC协议[J]. 小型微型计算机系统, 2007, 28(10): 1764 - 1768.
- [2] JUNG E S, VAIDYA N H. A power control MAC protocol for Ad Hoc networks[C]//Proceedings of the 8th Annual International Conference on Mobile Computing and Networking. New York: ACM, 2002: 36 - 47.
- [3] CHHAYA H S, GUPTA S. Performance modeling of asynchronous data transfer methods of IEEE 802.11 MAC protocol[J]. Wireless Networks, 1997, 3(3): 217 - 234.
- [4] BAI YONG, CHEN LAN. Extended multicast optimized link state routing protocol in MANETs with asymmetric links[C]// IEEE GLOBECOM. New York: IEEE, 2007: 1312 - 1317.
- [5] WANG GUOQIANG, MARINESCU D C. Cross-layer information sharing for wireless networks with asymmetric links[C]// Proceedings of 3rd International Symposium Wireless Pervasive Computing: ISWPC 2008. New York: IEEE, 2008: 475 - 479.
- [6] IEEE 802.11TM. Wireless LAN Medium Access Control (MAC) and Physical Layer (PHY) Specifications[S]. 2007.
- [7] 于斌, 孙斌, 温暖, 等. NS2与网络模拟[M]. 北京: 人民邮电出版社, 2007.