


TUYUZUHEYOUHUAZHONGDE DNA JISUAN

# 图与组合优化中的 DNA计算

殷志祥 著

 科学出版社  
www.sciencep.com

# 图与组合优化中的 DNA 计算

殷志祥 著

科学出版社

北京

## 内 容 简 介

DNA 计算是一种以 DNA 与某些相关的生物酶等作为最基本材料的、基于某些生化反应原理的一种新型的分子生物计算方法。本书以图与组合优化问题的 DNA 计算模型的建立为主线,分别给出了几个不同的图与组合优化问题的 DNA 计算模型。全书共分 11 章,较详细地介绍了 DNA 计算的研究进展及与 DNA 计算相关的生物操作,讨论了几个图与组合优化问题的 DNA 计算模型的建立及生物操作过程,如工序问题、最小支撑树问题、中国邮递员问题、可满足性问题、0-1 规划问题等。

本书是国内外首本讨论图与组合优化问题的 DNA 计算模型的专著。本书可作为应用数学专业、计算机专业、控制科学与工程专业本科生选修教材,也可供相关专业的研究生及有关科研人员参考。

### 图书在版编目(CIP)数据

图与组合优化中的 DNA 计算 / 殷志祥著. - 北京:科学出版社,2004

ISBN 7-03-014593-3

I. 图… II. 殷… III. 组合规划—应用—脱氧核糖核酸—计算方法 IV. Q523

中国版本图书馆 CIP 数据核字 (2004) 第 117497 号

责任编辑:杨瑰玉/责任印制:高 嵘

科 学 出 版 社 出 版

北京东黄城根北街 16 号

邮政编码:100717

<http://www.sciencep.com>

湖北京山德新印刷有限公司印刷

科学出版社发行 各地新华书店经销

\*

2004 年 12 月第 一 版 开本:850×1168 1/32

2004 年 12 月第一次印刷 印张:4 1/2

印数 1~2000

字数:112 000

定价:15.00 元

(如有印装质量问题,我社负责调换)

# 前 言

计算机技术被认为是 20 世纪三大科学革命之一，电子计算机对社会的发展起到了巨大的促进作用，但是量子物理学已经成功地预测出芯片微处理能力的增长不能长期地保持下去。基于这一原因，科学家们正在寻找其他全新的计算机结构，如人工神经网络计算机、量子计算机、光学计算机等。1994 年，美国加利福尼亚大学的 Adleman 博士提出利用 DNA（脱氧核糖核酸）对一个图论中的 NP-完全问题——有向图的 Hamilton 路问题进行编码，借助连接、变性、复性、PCR 扩增、电泳等生物操作可以求解出这一问题。他的方法的主要思想是：首先生成所有的有向路，然后找出所有开始于起点、结束于终点的有向路，最后寻找经过图的每个顶点且每个顶点只经过一次的有向 Hamilton 路。

这一研究成果引起了数学、物理、化学以及生物界科学家们的广泛关注，也开辟了 DNA 计算这一崭新的研究领域。随后，来自各国的 200 多位有关专家探讨了 DNA 计算乃至 DNA 计算机的可行性，认为基因工程的发展，为 DNA 计算及 DNA 计算机提供了技术上的保证，人们将有能力按照实际需要，组装成各种 DNA 计算机。一旦 DNA 计算机研制成功，其运算能力是传统计算机望尘莫及的。这无疑是一个极具开发价值的研究领域。

DNA 计算机（脱氧核糖核酸计算机）是近几年来最有独创性和出乎意料的发现之一，是生命科学与计算机科学相结合的产物。

DNA 计算机具有以下几个方面的突出优点：

(1) 具有高度的并行性，运算速度快，在一周的运算量相当于所有电子计算机从问世以来的总运算量。

(2) DNA 作为信息的载体其储存的容量非常之大， $1\text{m}^3$  的 DNA

溶液可存储 $1 \times 10^{20}$ 的二进制数据，远远超过当前全球所有电子计算机的总存储量。

(3) DNA计算机所消耗的能量只占一台电子计算机完成同样计算所消耗的能量十亿分之一。

(4) DNA分子的资源丰富。

总之，DNA计算机的出现将会给人类文明带来一个质的飞跃，给整个世界带来巨大的变化。DNA计算机的上述优点及应用情景吸引了不同学科、不同领域的众多科学家，特别是计算机科学、生物学、化学、数学、物理和工程等领域的科学家。

目前，关于DNA计算及DNA计算机的研究，主要集中在以下几个方面：

(1) 研究可用于DNA计算的不同分子结构。如单链的DNA分子（主要以此为平台），双链的DNA分子（大部分DNA计算模型的建立都离不开双链DNA分子）、单双链混合DNA分子（如粘贴模型）、环状的DNA分子（如质粒分子）以及半环状的DNA分子（如发夹结构分子）、k-臂DNA分子结构等。

(2) 建立不同问题的DNA计算模型。如组合优化中的NP-完全问题及困难的计算问题、密码破译、矩阵乘法、加法运算等问题。

(3) 研究DNA计算有关的形式语言及DNA计算的复杂度。

尽管DNA计算的研究已取得了一些进展，但是在DNA计算的研究中还有许多实际问题和理论问题有待解决，如实验操作的控制，编码的复杂性，在杂交过程中的错误杂交等。

随着生物技术的不断发展，DNA计算将会被用来解决更多的实际问题，特别是一些复杂巨系统中的问题，进一步将会产生一种全新的DNA计算机，它将会给数学、计算机科学、生物学、化学和工程等学科带来飞速的发展。

国内关于DNA计算的研究已逐步开展起来，主要是一些介绍DNA计算方面的综述性的报道，利用DNA计算解决实际问题方面的研究不多。为了推动该领域的研究与应用，尤其是吸引国内更

多的研究人员加入到该研究领域，特撰拙著，以供参考。本书将结合作者在攻读博士学位期间的研究成果，从几个图与组合优化问题的DNA计算模型的建立入手，介绍建立DNA计算模型的基本方法及生物操作过程。

全书共分11章，第一章介绍了DNA计算产生的背景、基本思想及意义。第二章较为详细地介绍了与DNA计算模型建立相关的生物基本操作的有关概念。第三章较为详细地介绍了国内外其他学者已经建立的图与组合优化问题的DNA计算模型及建立模型的基本思想，并对模型的复杂度进行了简单的分析。第四章讨论了最小支撑树问题的DNA计算模型的建立，给出了详细的编码方式和生物操作过程。第五章讨论了工序问题的DNA计算模型的建立，给出了详细的编码方式和生物操作过程。第六章讨论了中国邮递员问题的DNA计算模型的建立，并介绍了DNA编码的基本原则，给出了详细的编码方式和生物操作过程，并对边权编码进行了分析。第七章讨论了基于分子信标的可满足问题DNA计算模型，给出了具体的分子信标的设计过程和生物实现方式，并对可能出现的问题作了简单的介绍。第八章讨论简单0-1规划问题的DNA计算模型的建立，给出了简单的0-1规划问题的表面DNA计算模型的具体设计方式，采用了荧光标记技术，给出了具体的生物实现过程，并对两种不同的表面模型进行了简单的讨论和分析。第九章讨论一般0-1规划问题的DNA计算模型的建立，给出了一般的0-1规划问题的表面DNA计算模型的具体设计方式，采用多色荧光标记技术，给出了具体的生物实现过程。第十章介绍了DNA计算的完备性与通用性。第十一章简要介绍了该书的主要结果及进一步研究的方向。

由于时间仓促，本书中的观点和提法难免有不妥之处，恳请读者指正。

本书得到国家自然科学基金(基金号: 60274026, 60174047)、中国博士后科学基金、华中科技大学博士后基金及安徽理工大学博士基金项目的资助。

感谢华中科技大学控制科学与工程系许进教授对作者的指导，使我能顺利地完成该书的撰写工作。感谢国内外该领域的各位专家所做的研究工作，为本书提供了部分素材。我也要感谢华中科技大学、安徽理工大学给作者提供的科研和工作条件，使我能顺利地完成本书中的研究工作。

殷志祥

2004年5月

# 目 录

前 言	i
第一章 绪 论	1
1.1 DNA 计算产生的背景	1
1.2 DNA 计算的基本思想	3
1.3 DNA 计算的研究现状	3
1.4 本书的内容及创新之处	9
1.4.1 本书研究的基本问题	9
1.4.2 本书的主要结果与创新之处	10
第二章 生物操作的基本概念	12
2.1 DNA 的结构	12
2.2 DNA 分子的操作	16
2.2.1 DNA 链的分离和结合	16
2.2.2 DNA 链的延伸	17
2.2.3 DNA 链的外切	18
2.2.4 DNA 链的内切	19
2.2.5 DNA 链的连接	20
2.2.6 DNA 链长度的测量	21
2.2.7 特定 DNA 分子的提取	21
2.2.8 DNA 分子的复制	22
2.2.9 DNA 序列的测定	22
2.2.10 微量点样技术	23
第三章 图与组合优化问题的 DNA 计算模型	24
3.1 引言	24
3.2 DNA 计算	26
3.2.1 Hamilton 路问题	26



3.2.2	可满足性 (SAT) 问题	28
3.2.3	最大团问题	34
3.2.4	最大独立集问题	37
3.2.5	其他问题	39
3.3	复杂性讨论	39
<b>第四章</b>	<b>最小支撑树的 DNA 算法</b>	<b>41</b>
4.1	最小支撑树问题	41
4.2	最小支撑树问题的算法设计	41
4.3	最小支撑树问题的 DNA 计算模型系统	43
4.3.1	最小支撑树问题的 DNA 编码	43
4.3.2	最小支撑树问题的生物操作	43
4.4	实例分析	44
4.5	结论分析	46
<b>第五章</b>	<b>工序问题的 DNA 计算模型</b>	<b>47</b>
5.1	引言	47
5.2	工序问题的算法设计	48
5.2.1	基本算法	48
5.2.2	生物算法	48
5.3	工序问题的编码和生物操作	49
5.3.1	编码	49
5.3.2	生物操作	49
5.4	实例分析	50
5.5	结论分析	55
<b>第六章</b>	<b>中国邮递员问题的 DNA 计算模型</b>	<b>57</b>
6.1	引言	57
6.2	DNA 编码的基本原则	58
6.2.1	DNA 编码的规范几何结构	58
6.2.2	有关记号和数学模型	60
6.2.3	限制在 DNA 编码上的对合关系	62
6.2.4	规范几何结构的数学模型	63

6.3	算法设计	63
6.3.1	基本算法	64
6.3.2	DNA 算法	64
6.4	编码和生物操作	65
6.4.1	编码	65
6.4.2	生物操作	67
6.5	实例分析	68
6.6	结论分析	72
<b>第七章</b>	<b>基于分子信标的 DNA 计算模型</b>	<b>74</b>
7.1	引言	74
7.2	分子信标的研究进展	75
7.2.1	分子信标的结构性质和作用机制	75
7.2.2	分子信标的应用	76
7.3	分子信标与 DNA 计算	79
7.4	基于分子信标的算法设计	80
7.4.1	基本算法	80
7.4.2	生物算法	81
7.5	分子信标的编码和操作	81
7.5.1	编码	81
7.5.2	生物操作	82
7.6	实例分析	83
7.7	结论分析	85
7.8	注记	86
<b>第八章</b>	<b>简单的 0-1 规划问题的 DNA 计算模型</b>	<b>87</b>
8.1	引言	87
8.2	简单 0-1 规划问题的算法设计	88
8.2.1	基本算法	88
8.2.2	生物算法	88
8.3	简单 0-1 规划问题的编码和生物操作	89
8.3.1	编码	89

8.3.2	生物操作	89
8.4	实例分析	90
8.4.1	简单 0-1 规划问题的实例分析	90
8.4.2	案例分析中的 DNA 计算模型	93
8.5	生物操作的改进	95
8.6	结论分析	98
<b>第九章</b>	<b>0-1 规划问题表面 DNA 计算模型</b>	<b>99</b>
9.1	引言	99
9.2	0-1 规划问题的表面算法设计	100
9.2.1	基本算法	100
9.2.2	生物算法	101
9.3	0-1 规划问题的编码和生物操作	101
9.3.1	编码	101
9.3.2	生物操作	102
9.4	实例分析	102
9.5	结论分析	106
9.6	注记	106
<b>第十章</b>	<b>DNA 计算的完备性与通用性</b>	<b>108</b>
10.1	引言	108
10.2	DNA 分子结构与形式语言	109
10.3	DNA 计算的通用性	111
10.4	DNA 计算的完备性	113
10.5	DNA 计算的复杂度	114
<b>第十一章</b>	<b>结论与展望</b>	<b>116</b>
11.1	全书的结论	116
11.2	进一步研究方向	117
	<b>参考文献</b>	<b>120</b>

# 第一章 绪 论

本章简要地叙述 DNA 计算产生的背景、DNA 计算的基本思想以及 DNA 计算的研究现状，并介绍了本书的主要思路和创新之处，以及本书的主要贡献。

## 1.1 DNA 计算产生的背景

计算机技术被认为是 20 世纪三大科学革命之一，电子计算机为社会的发展起到了巨大的促进作用，但是量子物理学已经成功地预测出芯片微处理能力的增长不能长期地保持下去。基于这一原因，科学家们正在寻找其他全新的计算机结构，如人工神经网络计算机、量子计算机、光学计算机等<sup>[1-9]</sup>。1994 年，美国加利福尼亚大学的 Adleman 博士提出利用 DNA（脱氧核糖核酸）对一个图论中的 NP-完全问题-有向图的 Hamilton 路问题进行编码，借助连接、变性、复性、PCR 扩增、电泳等生物操作可以求解出这一问题<sup>[10]</sup>。他的方法的主要思想是：首先生成所有的有向路，然后找出所有开始于起点、结束于终点的有向路，最后寻找经过图的每个顶点且每个顶点只经过一次的有向 Hamilton 路。对应于生物实现步骤是首先用寡聚核苷酸片段编码图的顶点和边，然后将这些寡聚核苷酸片段放入溶液中，利用连接酶将它们连接起来，从而产生对应于所有有向路的不同的 DNA 链，最后利用 PCR 扩增、探针、电泳等生物手段寻找对应于只经过图的顶点一次的有向 Hamilton 路的 DNA 链，如果有这样的路，则说明该图存在有向 Hamilton 路，否则说明该图不存在有向 Hamilton 路。Adleman 对一个 7 个顶点 6 条边的图进行编码，先将图中各个顶点  $v_i$  用一个任意的 20 个碱基单链 DNA 片段来代替， $v_i v_j$  弧分别用  $v_i$  顶点

的后 10 个碱基的互补碱基和  $v_j$  的前 10 个碱基的互补碱基构成的 DNA 片段来代替。然后将足量的上述 DNA 片段放入溶液中，通过连接反应随机生成若干条有向路径。再利用引物通过 PCR 技术对上一步的产物进行扩增就可以有选择地扩增那些自起点到终点的 DNA 链，接下来，利用琼脂糖浆凝胶电泳得到的长度为 140 的碱基对的谱带就是恰恰经过 7 个顶点的路径的 DNA 链，割下这条谱带浸入双蒸水中提取 DNA 链（凝胶分离）。PCR 扩增及凝胶分离多次重复，可有效提高纯度。然后利用探针挑选出经过每个顶点仅一次的 DNA 链，最后用凝胶电泳检测它的存在性。

这一研究成果引起了数学、物理、化学以及生物界科学家们的广泛关注，也开辟了 DNA 计算这一崭新的研究领域。随后，来自各国的 200 多位有关专家探讨了 DNA 计算乃至 DNA 计算机的可行性，认为基因工程的发展，为 DNA 计算及 DNA 计算机提供了技术上的保证，人们将有能力按照实际需要，组装成各种 DNA 计算机<sup>[11-21]</sup>。一旦 DNA 计算机研制成功，其运算能力将是传统计算机望尘莫及的。这无疑是一个极具开发价值的研究领域。

DNA 计算机（脱氧核糖核酸计算机）是近几年来最有独创性和出乎意料的发现之一，是生命科学与计算机科学相结合的产物。

DNA 计算机具有以下几个方面的突出优点<sup>[9, 22]</sup>：

(1) 具有高度的并行性，运算速度快，一周的运算量相当于所有电子计算机从问世以来的总运算量。

(2) DNA 作为信息的载体其储存的容量非常之大， $1\text{m}^3$  的 DNA 溶液可存储  $1 \times 10^{20}$  的二进制数据，远远超过当前全球所有电子计算机的总存储量。

(3) DNA 计算机所消耗的能量只占一台电子计算机完成同样计算所消耗的能量十亿分之一。

(4) DNA 分子的资源丰富。

总之，DNA 计算机的出现将会给人类文明带来一个质的飞跃，给整个世界带来巨大的变化。DNA 计算机的上述优点及应用情景吸引了不同学科、不同领域的众多科学家，特别是计算机科

学、生物学、化学、数学、物理和工程等领域的科学家。

## 1.2 DNA 计算的基本思想<sup>[9]</sup>

DNA 计算是一种以 DNA 与相关的某些生物酶等作为最基本材料的、基于某些生化反应原理的一种新型的分子生物计算方法。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 分子链的可控的生化过程。最后,利用分子生物技术如聚合链反应 PCR、超声波降解、亲和层析、克隆、诱变、分子纯化、电泳、磁珠分离等,检测所需要的运算结果。DNA 计算的核心问题是将经过编码后的 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,从反应后的产物中得到全部的解空间。DNA 计算的最大优点是充分利用海量的 DNA 分子中的遗传密码,以及巨量的并行性。因而,以 DNA 计算模型为背景而产生的所谓的新一代计算机,即所谓的 DNA 计算机,必有海量的存储以及极快的运行速度。在 DNA 计算系统中, DNA 分子中的密码作为存储的数据,当 DNA 分子间在某种酶的作用下瞬间完成某种生物化学反应时,可以从一种基因代码变为另一种基因代码。如果将反应前的基因代码作为输入数据,那么反应后的基因代码就可以作为运算结果。这样,通过对 DNA 双螺旋进行丰富的精确可控的化学反应,包括标记、扩增或者破坏原有链来完成各种不同的运算过程,就可能研制成一种以 DNA 作为芯片的 DNA 计算机。

## 1.3 DNA 计算的研究现状

Adleman 的工作表明了采用 DNA 进行特定目的计算的可行

性。它的新颖性不仅仅在于算法，也不仅仅在于速度，而在于采用迄今为止还没有作为计算机硬件的生物工业技术来实现，并且开发了生物酶自身潜在的“运算”能力。最近也有学者开始将 DNA 计算与遗传算法、神经网络、模糊系统和混沌系统等智能计算方法相结合<sup>[23-25]</sup>。目前，关于 DNA 计算与 DNA 计算机的研究发展速度非常惊人，无论在理论研究上，还是实验方式的研究上都取得了很大的进展。下面对国内外研究的现状作一个简要的介绍。

1995 年，Princeton 大学的 Lipton 在 Adleman 思想的启发下，通过构造一个接触网络图  $G$ ，将 SAT 问题的解空间映射为通过接触网络图  $G$  的始点  $a_1$  和终点  $a_{n+1}$  的所有 Hamilton 路<sup>[22]</sup>，然后对有向图中的顶点和边进行编码，其方法与 Adleman 的方法基本相同。

1997 年，Ouyang 等利用 DNA 计算解决了另一个 NP-完全问题——图的最大团问题<sup>[26]</sup>。

继这三位学者的工作之后，已有许多学者给出了不同类型的图与组合优化问题的 DNA 计算方法与结果，如 Lipton 给出了连接网络、电路与最大电路以及正规电路等的可满足性问题<sup>[22,27-30]</sup>；质粒 DNA 分子是一种环状的超螺旋结构，Head 提出了用质粒 DNA 分子来解决可满足性问题<sup>[31]</sup>；高琳、马润年、许进利用质粒 DNA 分子结构给出了图的最大匹配问题的 DNA 计算模型<sup>[32]</sup>；张连珍、许进给出了一种基于环状质粒 DNA 计算的新方法，这种计算质粒包含一个特殊的插入 DNA 序列片段，每个片段定位在匹配的限制性内切位点，通过剪切和粘贴实现计算过程，并讨论了 0-1 背包问题(ZKP)的质粒 DNA 计算模型算法<sup>[33]</sup>。Cukras 等人用 RNA 代替 DNA 给出了可满足性问题的一种实验性的计算模型，并讨论了国际象棋问题的 RNA 计算模型<sup>[34]</sup>；2000 年，Liu 等人对可满足性问题进行了基于表面实验的 DNA 计算<sup>[35-37]</sup>；2001 年，Wu 对表面计算进行了改进，使得表面计算的操作更具有可行性<sup>[38]</sup>。虽然 DNA 计算模型的产生仅有 9 年的时

间,但关于基于 DNA 计算乃至一般的分子生物计算的图论与组合优化模型的研究已经有不少的结果。2000 年,日本的 Sakamoto 等人用 DNA 分子二级结构进行计算<sup>[39]</sup>,他们用生物技术求解了一个由 6 个变量 10 个子句组成的逻辑公式。他们的算法不仅提高了计算效率(减少了计算所需的生物操作步数),而且使 DNA 计算朝自动化方向前进了一步。DNA 计算机的研制是 DNA 计算研究中最具有挑战性的问题,目前这方面研究已经有几个非常好的结果,Wisconsin-Madison 大学的 Liu 等人所做的表面计算(surface computing)实验使得 DNA 计算可在固体表面进行,而不需要在溶液中进行。这项成果大大降低了 DNA 计算的出错率。DNA 计算机研究具有突破性的进展应是 2001 年以色列 Weizmann 科学院的 Benenson 关于基于分子生物的可编程与自治计算机器的研究<sup>[40]</sup>,我们称它为一种“半自动化试管型 DNA 计算机”。当然,此运算器目前还没有什么实用性,但它的科技意义是开拓性的!该机器是一种可编程的、可自治地解决组合优化问题的有限自动机,这种有限自动机由 DNA 和操作 DNA 的生物酶构成。该自动操作的硬件由限制核酸酶和连接酶构成,软件和输出由双螺旋输出编码,且编程相当于选择适当的软件分子。对这些成分的混合溶液,该自动操作将输入分子,经过阶式蒸发器的限制、杂交、连接操作循环处理后,产生出可检测的输出分子,这种输出分子对于自动操作的最终状态进行了编码,这也就是计算的结果。同年,Braich 等给出了半自动化自组装 DNA 计算模型,并利用该模型解决了含有 20 个变元的 3-可满足性问题<sup>[41]</sup>。他们给出了形如

$$\begin{aligned}
 & (\bar{x}_3 \vee \bar{x}_{16} \vee x_{18}) \wedge (x_5 \vee x_{12} \vee \bar{x}_9) \wedge (\bar{x}_{13} \vee \bar{x}_2 \vee x_{20}) \wedge (\bar{x}_9 \vee \bar{x}_5 \vee x_{12}) \wedge \\
 & (\bar{x}_4 \vee x_6 \vee x_{19}) \wedge (x_5 \vee x_{17} \vee x_9) \wedge (\bar{x}_1 \vee x_4 \vee \bar{x}_{11}) \wedge (\bar{x}_{19} \vee \bar{x}_2 \vee x_{13}) \wedge \\
 & (x_5 \vee x_{17} \vee x_9) \wedge (x_{15} \vee x_9 \vee \bar{x}_{17}) \wedge (\bar{x}_5 \vee \bar{x}_9 \vee \bar{x}_{12}) \wedge (x_6 \vee x_{11} \vee x_4) \wedge \\
 & (\bar{x}_{15} \vee \bar{x}_{17} \vee x_7) \wedge (\bar{x}_6 \vee x_{19} \vee x_{13}) \wedge (\bar{x}_{12} \vee \bar{x}_9 \vee x_5) \wedge (x_{12} \vee x_1 \vee x_{14}) \wedge \\
 & (x_3 \vee x_{20} \vee x_2) \wedge (x_{10} \vee \bar{x}_7 \vee \bar{x}_8) \wedge (\bar{x}_5 \vee x_9 \vee \bar{x}_{12}) \wedge (x_{18} \vee \bar{x}_{20} \vee x_3) \wedge
 \end{aligned}$$



$(\bar{x}_{10} \vee \bar{x}_{16} \vee x_{18}) \wedge (x_1 \vee \bar{x}_{11} \vee \bar{x}_{14}) \wedge (x_8 \vee \bar{x}_7 \vee \bar{x}_{15}) \wedge (\bar{x}_8 \vee x_{16} \vee \bar{x}_{10})$   
的 20 个变元的可满足性问题的 DNA 解法, 利用所有解的组合构造 Sticker 模板, 通过杂交对解进行检测。他们的思想与 Lipton 的思想基本相同, 但是他们将解的捕获和电泳这两步生物操作进行了合成, 因此, 他们所采用的生物方法具有自动化的特点。另外, 这个模型解决了具有 20 个变元  $2^{20}$  种解的组的可满足性问题, 是到现在为止最好的结果, 也为 DNA 计算的高度并行性提供了更有力的证据。

在 DNA 计算模型的研究中, 剪接系统模型 (splicing system model)<sup>[42~43, 54, 156~160]</sup>和粘贴模型<sup>[40, 41, 45~48]</sup>是最近几年内两个主要的模型。剪接系统模型是基于剪接操作 (分子生物操作的抽象, 每个操作是切割双链 DNA 分子和再重新连接切割部分以获得新的 DNA 分子), 剪接系统是计算完备的, 即每个 PASCAL 程序可通过一个适当的剪接系统来模拟, 反之亦然。粘贴计算模型在 DNA 计算的研究中倍受学者们的关注, 其主要原因不仅是此模型与剪接系统模型有一样的计算能力, 而且与有限自动机理论有较为密切的联系, 并且是 DNA 计算机更进一步研究的理论基础。粘贴模型是由 Roweis 等人于 1996 年第二届 DIMACS 专题讨论会上提出的<sup>[44]</sup>, 它是基于分子操作和随机访问内存的一种 DNA 计算模型, 是一种通用计算机系统。在一般的 DNA 计算中对于问题的编码要么采用单链, 要么采用双链, 而粘贴模型采用单链与双链的混合形式进行编码: 将一条长链划分为若干段, 其中有些是单链, 有些是双链, 单、双链随机分布。若用单链表示数据 0, 用双链表示数据 1, 则一条这样的长链可用来表示一个 2-进制数据。由于单链和双链根据不同的生物操作可发生变化, 因而 DNA 链相当于一个随机数据存储单元。粘贴模型的优点是在运算过程中不需要 DNA 链的延伸, 也不需要酶的作用, 并且 DNA 链可重复使用。

文献[44]是粘贴模型建立的首篇开创性的文章。在文献[44]中, 除了引入上述基本模型之外, 作者做出了如下的主要贡献: