

# 图的最大团与最大独立集粘贴 DNA 计算模型

范月科<sup>1)</sup> 强小利<sup>2)</sup> 许 进<sup>2)</sup>

<sup>1)</sup>(华中科技大学分子生物计算机研究所 武汉 430074)

<sup>2)</sup>(北京大学信息科学技术学院 北京 100871)

**摘 要** 粘贴模型(sticker model)是 DNA 计算中一个很重要的模型,其主要原理就是采用单双链混合型 DNA 分子进行编码,其优点在于在生物操作过程中不需要 DNA 链的延伸,不需要生物酶的作用以及 DNA 链可重复使用等,因此引起了来自不同学科的学者们的广泛关注与兴趣.文中提出了一种求解图的最大团问题的 DNA 计算模型,该模型采用了两种基本并行计算处理思想,一种是将图分解成小的子图来处理的并行思想;另一种是进行并行生物操作.

**关键词** DNA 计算;粘贴模型;最大团问题

中图法分类号 TP301 DOI号: 10.3724/SP.J.1016.2009.00305

## Sticker Model for Maximum Clique Problem and Maximum Independent Set

FAN Yue-Ke<sup>1)</sup> Qiang Xiao-Li<sup>2)</sup> XU Jin<sup>2)</sup>

<sup>1)</sup>(Institute of Biomolecular Computer, Huazhong University of Science and Technology, Wuhan 430074)

<sup>2)</sup>(School of Electronics Engineering and Computer Science, Peking University, Beijing 100871)

**Abstract** The sticker model is an important computing model in DNA computing which takes use of the combination of the single DNA strands and double strands to encode the information. The advantages can be concluded as follows (1) DNA strands can be used without augmentation; (2) the DNA strands can be reused. In this paper, we proposed a DNA computing model to solve the maximum clique problem based on two parallel computing methods. One is to divide the graph into several subgraphs, and the other is to take bio-technology to fulfill the parallelism.

**Keywords** DNA computing; sticker model; maximum clique problem

## 1 引 言

最早提出分子计算思想的是诺贝尔奖获得者 Feynman<sup>[1]</sup>,他构建了亚微观尺度计算机;1973年, Bennett<sup>[2]</sup>设想构建一种用酶来催化的图灵机,它以极低的能量代价在遗传物质如 DNA 上执行计算过程.但由于当时技术水平较低,这些天才的设想没有引起人们足够的重视.直到 1994 年,美国加利福尼

亚大学的 Adleman<sup>[3]</sup>博士利用现代分子生物技术,首次提出了有向哈密顿路问题(Directed Hamiltonian Path Problem, DHPP)的 DNA 计算方法,并在 DNA 溶液中成功地进行了实验.这在国际上引起了巨大的反响,也开创了 DNA 计算的新纪元.1995 年, Lipton<sup>[4]</sup>在 Adleman 思想的启发下,通过构造一个接触网络图  $G$ ,将可满足问题(SAT)的解空间映射为通过接触网络图  $G$  的始点  $a_1$  和终点  $a_n$  的所有哈密顿路.他首先利用 DNA 链表示问题的所有

收稿日期:2009-07-06;最终修改稿收到日期:2009-11-09.本课题得到国家自然科学基金(60533010,60910002,60974112,60971085,30970969)、国家“八六三”高技术研究发展计划项目基金(2009AA012413)、中国教育部博士点基金(20070001020)资助.范月科,男,1959年生,博士,研究方向为 DNA 计算、图论.强小利,女,1979年生,博士,研究方向为 DNA 计算与生物信息学.许进(通信作者),男,1959年生,教授,博士生导师,研究领域为 DNA 计算机、神经网络、遗传算法、图论等.

可能解,然后利用生化反应删除非解. Roweis 等<sup>[5-7]</sup>构造了一种新的 DNA 计算模型-粘贴模型,并用此模型解决了最小集合覆盖问题和数据加密问题. 此模型有一个可随机访问的存储空间,操作时不需要延伸 DNA 链,也无需酶的参与,并且它的材料在理论上是可以重复使用的. 他们提出了用粘贴模型来设计生物计算机的设想,该机器是分子计算中的一种并行机器人工作站,通过一个中心可编程电子计算机控制其中的各种机器人、液流装置、加热器、制冷器以及一些传统的电子设备. 对于模型中的每一步运算,可以选择特殊的物理过程来实现. 他们在这篇文章中还讨论了如何设计存储链来避免操作中 DNA 二级结构的形成,这也是 DNA 计算中尚未解决的一个难题. 1997 年, Ouyang 等<sup>[8]</sup>利用 DNA 计算解决了图与组合优化中的另一个 NP-完全问题-图的最大团问题. 2000 年, Sakamoto 等<sup>[9]</sup>巧妙的运用单链 DNA 分子的“发夹”结构,将逻辑运算的约束条件编码于 DNA 分子中,通过 DNA 分子的自组织过程解决了一个 3-可满足性问题. Wisconsin 大学的 Liu 等<sup>[10-12]</sup>介绍了一种基于表面 DNA 计算的 SAT 问题的解决方法. 2001 年, Wu<sup>[13]</sup>对此方法进行了改进,使 DNA 计算机的发展向芯片化方向迈进了一大步. 同年 11 月,以色列的 Weizmann 研究所的 Benenson<sup>[14]</sup>研制出由 DNA 分子和酶分子构成的生物计算机,该机器是一种可编程的、可自治地解决组合优化问题的有穷自动机,这种有穷自动机由 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 DNA 分子编码,且编程相当于选择适当的软件分子. 对这些成份的混合溶液,该自动机对输入分子进行杂交、连接和切割的循环处理,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. Zimmerman<sup>[15-16]</sup>设计了一种粘贴模型的平台,并用此平台下的 DNA 粘贴算法研究了二进制线性编码. Sakakibara<sup>[17]</sup>用复杂结构分子给出了一种粘贴系统的变形. 从原始的粘贴系统定义来说,这种系统可以看成是单向粘贴系统. 2002 年, Adleman 小组<sup>[18]</sup>等将粘贴模型和表面技术相结合,采用一种新的实验方法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 个变量的 3-可满足性问题. Zimmerman<sup>[19]</sup>利用粘贴模型给出了图的子图求解,图的所有  $k$ -团,  $k$ -独立集,哈密顿路与圈以及 Steiner 树等问题的 DNA 计算模型及其实现算法. 他用

小规模数据库代替通常用到的大规模数据库,然后在解决实际问题时再反复调用小规模数据库和已有的程序块. 这些算法不仅确定了解的存在性而且产生了所有的解,并且对于具有  $n$  个顶点  $m$  条边的无向图  $G$ ,这些算法的运行时间是在  $n+m$  线性时间内. 许进等<sup>[20-21]</sup>对 DNA 计算粘贴模型给予了较为详细的讨论,诸如基本模型、在粘贴模型基础上建立起的粘贴系统、 $k$ -进制粘贴模型理论及其应用、粘贴模型在图与组合优化上的应用等,并建立了图的顶点着色问题  $k$ -进制粘贴模型. Sakakibara 等<sup>[22]</sup>研制出一台用于基因表达分析的 DNA 计算机,它由两部分组成:分子计算组件和检测部分. 前者通过生化反应,筛选出正确的结果,后者对所得到的结果进行分析. Eng<sup>[23]</sup>提出了一种 SAT 问题的活体 DNA 计算方法. Cukras 等<sup>[24]</sup>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,并讨论国际象棋问题的 RNA 计算模型; Oliver<sup>[25]</sup>提出布尔矩阵和正实数矩阵相乘的 DNA 计算方法. Head<sup>[26]</sup>提出了用质粒 DNA 分子解决图的最大独立集问题.

## 2 粘贴 DNA 计算模型

粘贴计算模型是当前 DNA 计算模型中的一类颇受学者关注的模型. 这种模型采用单双链混合编码,这里主要对 Roweis 等人所提出的粘贴模型进行简要讨论,诸如粘贴计算中的编码、生物操作和生物操作的实现以及粘贴计算的基本方法等.

### (1) 编码

粘贴模型有一个随机访问的存储区. 粘贴模型的存储区由存储合成物(memory complex)构成. 一个存储合成物是一个部分双链的 DNA 串,可看作是 2-进制数的一个编码(如图 1 所示,其中双链表示 1,单链表示 0). 每个存储合成物由两种称为存储链和粘贴链的单链 DNA 分子形成. 存储链是一个单链的 DNA 分子,由  $l$  个碱基构成. 一个存储链中含有  $n$  个不重叠的子链,每个子链由  $m$  个碱基构成. 我们取  $l = mn$ . 例如, DNA 序列 5'-AAAAA TTTCC GGGGG TAGAT TTTTT CCCC- 3' 是一个长度为  $l=5 \times 6$  的存储链,其中  $m=5, n=6$ . 粘贴链则是由  $m$  个碱基组成的 DNA 序列,如 3'-TTTTT-5', 3'-AAAGG-5' 和 3'-CCCCC-5', 其中  $m=5$ . 在一个存储链中,每个粘贴链恰好与  $n$  个子链中的一个互补的.

存储链的每个子链被视为一个位元的位置. 如

果一个粘帖链被退火于存储链的匹配子链上,则这个特殊的子链是“开”;否则为“关”。因此,存储合成物可用来表示一个二进制数,其中一个子链为“开”表示该位元的数是 1,而子链为“关”表示该位的数是 0。这里是 4 个存储合成物的例子,如图 1 所示。



图 1 表示 4 个 2-进制数的存储合成物

这 4 个例子中编码的均为 5 个位元,它们所表示的 2-进制数分别是:00000、10100、11011、11111。一个  $(K, L)$ -库是一个集合,它包含有许多长度为  $K$  的串,这个  $K$  值由长度为  $L$  的所有可能出现的位串的集合以及其余的  $K-L$  个零值取代而生成的。显然,这样在集合共有  $2^L$  个长度为  $K$  的串。例如,  $(5, 3)$  库是集合  $\{00000, 00100, 01000, 01100, 10000, 10100, 11000, 11100\}$ 。

## (2) 生物操作

上面主要给出了粘帖模型的编码方法,现在,我们将主要讨论粘帖模型的生物操作。有时我们也称为生物运算。我们在此引入试管的概念。一个试管(test tube)是含有 DNA 分子的集合,其中 DNA 分子有些是单链的,有些是双链的。DNA 链出现在试管里具有多样性,即同样串的几种复制都可能含在此试管中。这里所言的试管实际上是所谓的存储合成物。粘帖模型中的操作有 4 种:合并、分离、设置与清除。

**合并(merge)**. 将来自于两个试管  $T_1, T_2$  中的存储合成物组合在一个试管里,所得到的试管可看作是由输入试管的并构成的多重集;

**分离(separation)**. 对试管中的存储链,由某位元上值的状态将其分离到两个试管中,其中一个试管中的存储链在该位上的值为“1”,而另一个试管中存储链在该位置上的值为“0”,通过设计探针来实现。更详细地讲,即对于试管  $T$  和整数  $i (1 \leq i \leq n)$ ,产生两个新试管,记为试管  $+(T, i)$  和试管  $-(T, i)$ ,其中试管  $+(T, i)$  是由所有的第  $i$  个子链在试管  $T$  中均为双链的存储链构成,而试管  $-(T, i)$  是由所有的第  $i$  个子链在试管  $T$  中均为单链的存储链

构成;

**设置(set)**. 将试管中所有的存储链某位元的值全部变成“1”,即通过杂交将原来的序列段由单链变为双链。更详细地讲,对于试管  $T$  和整数  $i (1 \leq i \leq n)$ ,操作设置产生一个新的试管  $set(T, i)$ ,使得试管  $T$  中每个存储合成物的第  $i$  个子链转入“开”。对此,如果它的第  $i$  个子链是“关”的话,则需一个适当的粘帖链被退火于一个存储链;如果第  $i$  个子链总是“开”的话,则留下来的存储合成物不变;

**清除(clear)**. 将试管中所有的存储链中某位的值全部变为“0”,即通过加热将该序列由双链变为单链。更详细地讲,对于试管  $T$  和整数  $i (1 \leq i \leq n)$ ,操作清除产生一个新的试管  $clear(T, i)$ ,使得该试管  $T$  中的每个存储合成物的第  $i$  个子链转入“关”,对此,最终的退火粘帖链被删除。

## (3) 生物操作的物理实现

上述每一个操作的物理实现讨论简述如下:

**合并操作**. 通过将两个试管的溶液全部注入一个试管之中来实现。

**分离操作**. 需要杂交所设计的分离探针与第  $i$  个子链互补,且附属于这个试管的壁上,第  $i$  个子链是“关”的存储合成物可能退火到这个探针上,而第  $i$  个子链是“开”的存储合成物将不退火。由此,完成了存储合成物对第  $i$  个子链的分离。

**设置操作**. 通过杂交实现,对应于第  $i$  位的足量的粘帖链被添加到试管里。退火以后,多余的粘帖链通过分离出所有的存储合成物的方法被删除。通过对每个存储链增加一个通用的区域使得无粘帖链退火于此区域,可完成上述操作。

**清除操作**. 此操作是最麻烦的一种,当所有存储合成物的所有的粘帖链衰减时,变性过程将会停止。此时,不存在满足清除操作实现的条件。操作清除可通过在工作台(即存储链)中设置一个特殊的位元来实现。

## (4) 粘帖计算

粘帖模型中的粘帖计算是由合并、分离、设置与清除的有限序列构成。粘帖计算的输入是试管,称为初始试管。当 DNA 计算的程序模式在试管上穷举组合搜索后,初始的试管可产生大量的原问题的解。如一个具有  $n$  个顶点的图的所有 Hamilton 路可能有  $n!$  个顶点集的排列,因而在求解时,需从这  $n!$  个顶点集的排列中选取。

粘帖计算中的输出也是试管的一个序列,称为最终试管。最终输出试管在下列意义下进行阅读:它

的每一个粘贴计算的基本方法和步骤可简要地表达如下:(1)对待解问题分析,将其转换成粘贴计算模型.其具体的方法步骤是首先对待解问题进行编码;(2)执行 4 种操作运算;(3)对经过操作运算后的解进行检测,并转化成问题的实用解.

### 3 改进的粘贴模型-全信息化的粘贴 DNA 计算模型

我们知道,由 Roweis 等人提出来的粘性模型采用的是一种单链与双链相混合的 DNA 序列来进行编码的,这种编码称为存储合成物.若用单链表示 0,双链表示 1,由此可用于表达 0,1 序列,即一个存储合成物唯一地对应一个 2-进制数. Roweis 等人在它们的工作中重点指出:存储合成物是由两种类型的单链组成:(1)所谓的存储链,即一个建立了平台的模板链;(2)所谓的粘贴链,它与存储链中的位段互补.这两种链是一种上下结构,如图 2 所示.显然,Roweis 所定义的存储合成物没有考虑左右结构.在这一小节里,文献[21]在 Roweis 所定义的存储合成物概念的基础上,做了进一步的完善,提出了所谓的全信息化粘贴 DNA 计算模型.

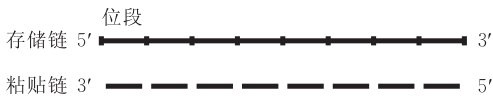


图 2 Roweis 等关于粘贴模型中存储合成物的基本结构

其完善的内容是将存储链分为 3 个基本链区:主链区、辅链区和决策链区,通常相应等价地称为主链、辅链和决策链.其中主链的主要功能是建立待解问题的数据库,或称为数据池;辅链的主要功能是一个“存储库”,它把待解问题的全部可能的信息存储在辅链上,根据问题的不同,辅链可能设计为多个.如我们在研究图的同构问题时,有两个图,每个图的信息设计一个辅链,则共可设计两个辅助链,如图 3 所示,给出了两个辅链.决策链的主要功能是对表示在主链上每个数据池中的数据给出是否为问题解的一个评判,即检测问题所需要的解.所以,对决策链如何设计是一个关键的问题.



图 3 全信息粘贴 DNA 计算模型的存储链

在解决实际问题时,主链是必须的,但决策链或辅链有时根据问题也可能没有.如我们在用此模型

研究图的最大团与最大独立集时就没有决策链,而是把决策链与辅链综合在一起.而在研究图的同构和图的平面测试问题时这三链均被用到.

### 4 基于粘贴模型的图的最大团问题的计算模型

设  $G=(V, E)$  是一个给定的图.用粘贴模型建立的图的最大团问题的方法与步骤如下:

#### (1) 存储链(主链)设计

主链由图的顶点序列  $V = \{v_1, v_2, \dots, v_n\}$  构成;辅链由图的相邻关系  $v_i(v_j)$  ( $i, j = 1, 2, \dots, k$  且  $i \neq j$ ) 构成,这些相邻关系完全反映了该图的全部信息,即唯一地确定了这个图,如图 4 中所示.构成的辅链共有 6 个位段构成,它们是:  $v_1(v_2), v_1(v_3), v_1(v_4), v_2(v_3), v_2(v_4), v_3(v_4)$ , 如图 5 所示.

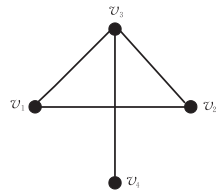


图 4 具有 4 个顶点的简单图

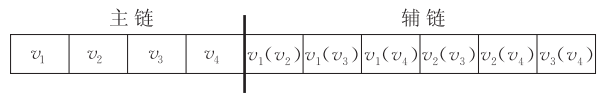


图 5 图 G 的存储链示意图

#### (2) 粘贴链设计

我们在本章中不同于过去的粘贴模型的一个区别是在辅链上直接将图的相邻关系粘贴上去:若图的顶点  $v_i$  与  $v_j$  相邻,则在辅链上对应的位段  $v_i(v_j)$  直接设置成双链;否则,若图的顶点  $v_i$  与  $v_j$  不相邻,则将辅链上对应的位段  $v_i(v_j)$  设置为单链.我们给出了图 4 中图 G 辅链的粘贴设计,如图 6 所示.我们把这个链构成的试管记为  $T_0$ .

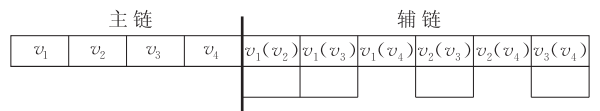


图 6 初始试管中的初始链的设计图示

#### (3) 寻找具有 k 个顶点的团

从图 G 的顶点集  $V = \{v_1, v_2, \dots, v_n\}$  中随机地选取  $k \geq 2$  个顶点的子集,不失一般性,不妨假设为  $v_{i1}, v_{i2}, \dots, v_{ik}$ ;复制一个与  $T_0$  相同的试管,并从中删除辅链中位段  $v_i(v_j)$ , 其中  $i \notin \{i1, i2, \dots, ik\}$ , 或

者  $j \in \{i_1, i_2, \dots, i_k\}$ , 或者  $i, j \notin \{i_1, i_2, \dots, i_k\}$ . 并将操作后的试管仍记做  $T_0$ . 如对图 4 中所示的图  $G$  中, 若我们选择  $k=3$ , 且 3 个顶点为  $v_1, v_2, v_4$ , 则应从图 6 中删除位段  $v_1(v_3), v_2(v_3), v_3(v_4)$ . 删除后所得的存储合成物如图 7(a) 所示; 若我们选择  $k=3$ , 且 3 个顶点为  $v_1, v_2, v_3$ , 则应从图 6 中删除位段  $v_1(v_4), v_2(v_4), v_3(v_4)$ . 删除后所得的存储合成物如图 7(b) 所示.

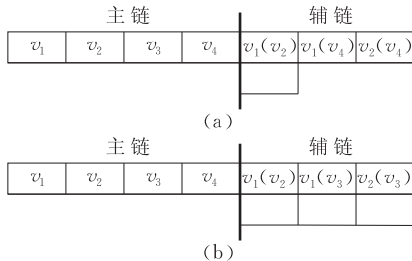


图 7 由两组 3 个顶点所导出的初始存储合成物

(4) 在主链上并行地对这  $k$  个顶点  $v_{i_1}, v_{i_2}, \dots, v_{i_k}$  所对应的位段上实施设置操作:  $Set(T_0, v_{i_1}), Set(T_0, v_{i_2}), \dots, Set(T_0, v_{i_k})$ , 为了体现并行性, 我们将上述的逐个操作用  $Set(T_0, v_1, v_2, \dots, v_k)$  来表示. 于是, 对于顶点子集  $\{v_1, v_2, v_4\}$  和顶点子集  $\{v_1, v_2, v_3\}$  所实施的设置操作如图 8(a)、(b) 所示, 其操作后的试管仍然记做  $T_0$ .

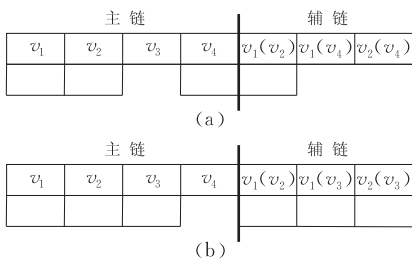


图 8 主链实施设置操作后的两种结果示意图

(5) 并行地检测试管  $T_0$  辅链的单、双性: 就是说对所获的试管  $T_0$  中的存储合成物中的辅链并行地施行操作  $+(T_0, v_i(v_j)), -(T_0, v_i(v_j))$ , 其中  $i, j=1, 2, \dots, k$  且  $i \neq j$ ; 若试管  $T_0$  中的辅链全为双链, 则由顶点子集  $\{v_{i_1}, v_{i_2}, \dots, v_{i_k}\}$  是图  $G$  的一个团, 否则, 只要由一个是单链, 则  $\{v_{i_1}, v_{i_2}, \dots, v_{i_k}\}$  不是图  $G$  的团;

(6) 对  $k(2 \leq k \leq n)$  从大到小逐一进行操作, 当第一个非空的情况出现时, 这个顶点子集  $\{v_{i_1}, v_{i_2}, \dots, v_{i_k}\}$  就是  $G$  的一个最大团.

## 5 总结

本文提出了一种求解图的最大团问题的 DNA

计算模型, 该模型采用了两种基本并行计算处理思想. 一种是将图分解成小的子图来处理的并行思想; 另一种是进行并行生物操作.

求解经典 Ramsey 数问题中的一个关键的算法是计算图的最大团与最大独立集问题, 而此问题又是一个困难的 NP-完全问题, 因此, 如何给出求解大规模图的最大团与最大独立集问题是困扰计算科学家的一个困难问题.

应该说, 此模型是一种理论模型, 其实验操作具有一定的难度, 这也是 DNA 计算机领域的专家正有兴趣的一个方向, 该方向与生物技术的进展息息相关.

本文设计的搜索最大团 DNA 计算模型, 为建立求解 Ramsey 数 DNA 计算模型作了必要的铺垫工作.

## 参 考 文 献

- [1] Feynman R P. There's plenty of room at the bottom. California Institute of Technology Journal of Engineering and Science, 1960, 4(2): 23-36
- [2] Bennett C H. On constructing a molecular computer. IBM Journal of Research and Development, 1973, 17: 525-532
- [3] Adleman L. Molecular computation of solutions to combinatorial problems. Science, 1994, 266(5178): 1021-1024
- [4] Lipton R J. DNA solution of hard computation problems. Science, 1995, 268(4): 542-545
- [5] Roweis S, Winfree E, Burgoyne R et al. A sticker-based model for DNA computation. Journal of Computational Biology, 1998, 5(4): 615-629
- [6] Adleman L M. On applying molecular computation to the data encryption standard. Journal of Computational Biology, 1999, 6(1): 53-63
- [7] Roweis S, Winfree E, Burgoyne R et al. A sticker based architecture for DNA computation//Proceedings of the 2nd Annual Meeting on DNA Based Computers. DIMACS: Series in Discrete Mathematics and Theoretical Computer Science. Princeton, 1996: 1-27
- [8] Ouyang Q et al. DNA solution of the maximal clique problem. Science, 1997, 278: 446-449
- [9] Sakamoto et al. Molecular computation by hairpin formation. Science, 2000, 288: 1223-1226
- [10] Liu Q et al. DNA computing on surfaces. Nature, 2000, 403: 175-179
- [11] Smith L M, Corn R M, Condon A E et al. A surface-based approach to DNA computation. Journal of Computational Biology, 1998, 5(2): 255-267
- [12] Liu Q, Frutos A, Wang L et al. Progress towards demonstration of a surface based on DNA computation: A one-word

- approach to solve a model satisfiability problem. *Biosystems*, 1999, 52(1-3): 25-33.
- [13] Wu H. An improved surface-based method for DNA computation. *Biosystems*, 2001, 59(1): 1-5
- [14] Benenson Y, Paz-Elizur T, Adar R, Kelnan E, Livneh Z, Shapiro E. Programmable and autonomous computing machine made of biomolecules. *Nature*, 2001, 414: 430-434
- [15] Lai T, Zimmermann K H. A software platform for the sticker model. Department of Computer Engineering, TU Hamburg-Harburg; Technical Report; 2001. 2, 2001.
- [16] Zimmermann K H. DNA sticker algorithms for binary linear codes. TU Hamburg-Harburg; Technical Report; 2000. 1, 2000
- [17] Sakakibara Y, Kobayashi S. Sticker systems with complex structures. *Soft Computing—A Fusion of Foundations, Methodologies and Applications*, 2001, 5(2): 114-120
- [18] Braich R S, Chelyapov N, Johnson C, Rothmund P W K, Adleman L. Solution of a 20-variable 3-SAT problem on a DNA computer. *Science*, 2002, 296(5567): 499-502
- [19] Zimmerman K H. Efficient DNA sticker algorithms for NP-complete graph problems. *Computer Physics Communications*, 2002, 144(3): 297-309
- [20] Xu Jin, Dong Ya-Fei, Wei Xiao-Peng. Sticker DNA computer model (I): Theory. *Chinese Science Bulletin*, 2004, 49(3): 205-212(in Chinese)  
(许进, 董亚非, 魏小鹏. 粘贴 DNA 计算和模型(I)理论. *科学通报*, 2004, 49(3): 205-212)
- [21] Xu Jin, Li San-Ping, Dong Ya-Fei, Wei Xiao-Peng. Sticker DNA computer model (II): Applications. *Chinese Science Bulletin*, 2004, 49(4): 299-307(in Chinese)  
(许进, 李三平, 董亚非, 魏小鹏. 粘贴 DNA 计算和模型(II)应用. *科学通报*, 2004, 49(4): 299-307)
- [22] Sakakibara Y, Suyama A. Intelligent DNA chips: Logical operation of gene expression profiles on DNA computers. *Genome Informatics*, 2000, 11: 33-42
- [23] Eng T, Serridge B M. A surface-based DNA algorithm for minimal set cover//*Proceedings of the 3rd DIMACS Meeting on DNA Based Computers*. University of Penns, 1999: 185
- [24] Cukras A, Faulhammer D, Lipton R et al. Chess games: A model for RNA-based computation. *Biosystems*, 1999, 52(1-3): 35-45
- [25] Oliver J S. Computation with DNA-matrix multiplication//*Proceedings of the 2nd Annual DIMACS Meeting on DNA Based Computers*. Princeton, 1999: 113
- [26] Head T, Kaolan P D, Bladergroen R R et al. Computing with DNA by operating on plasmids. *Biosystems*, 2000, 57(2): 87-93



**FAN Yue-Ke**, born in 1959, Ph. D.. His current research interests include DNA computing and graph theory.

**QIANG Xiao-Li**, born in 1979, Ph. D.. Her current research interests include DNA computing and bioinformatics.

**XU Jin**, born in 1959, professor, Ph. D. supervisor. His research interests include DNA computing, system engineering, and graph theory.

## Background

This research is supported by the National Natural Science Foundation of China (Grant Nos. 60373089, 60674106, 60573190 and 60803113), and program for New Century Excellent Talents in University (NCET-05-0612). There are many research results based on this Foundation, such as the coding of DNA computing, the application of DNA computing models. This paper is concerned to the sticker model

which takes use of the combination of the single DNA strands and double strands to encode the information. On this basis, we solve the maximum clique problem based on two parallel computing methods. One is to divide the graph into many small subgraphs, and the other is to take the PCR technology to fulfill the parallelism.